

日 本 国 特 許 庁
JAPAN PATENT OFFICE

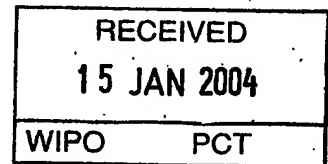
25.11.03

別紙添付の書類に記載されている事項は下記の出願書類に記載されている事項と同一であることを証明する。

This is to certify that the annexed is a true copy of the following application as filed with this Office.

出 願 年 月 日
Date of Application: 2003年 9月19日

出 願 番 号
Application Number: 特願2003-329115
[ST. 10/C]: [JP2003-329115]



出 願 人
Applicant(s):

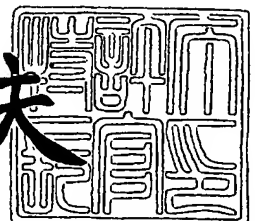
東レ株式会社
財団法人 東京都医学研究機構
ヨハネス グーテンベルク ユニベルシティート マインツ

PRIORITY DOCUMENT
SUBMITTED OR TRANSMITTED IN
COMPLIANCE WITH
RULE 17.1(a) OR (b)

2003年12月26日

特許庁長官
Commissioner,
Japan Patent Office

今井康夫



【書類名】 特許願
【整理番号】 P03-0852
【提出日】 平成15年 9月19日
【あて先】 特許庁長官 殿
【国際特許分類】 C12N 15/00
【発明者】
 【住所又は居所】 東京都板橋区成増 3-37-1-302
 【氏名】 脇田 隆字
【発明者】
 【住所又は居所】 愛知県名古屋市瑞穂区松月町 1-41-206
 【氏名】 加藤 孝宣
【発明者】
 【住所又は居所】 神奈川県川崎市中原区新城 3-13-5-303
 【氏名】 伊達 朋子
【特許出願人】
 【識別番号】 000003159
 【氏名又は名称】 東レ株式会社
【特許出願人】
 【識別番号】 591063394
 【氏名又は名称】 財団法人 東京都医学研究機構
【特許出願人】
 【識別番号】 503189262
 【氏名又は名称】 ヨハネス グーテンベルク ユニベルシティート マインツ
【代理人】
 【識別番号】 100091096
 【弁理士】
 【氏名又は名称】 平木 祐輔
【選任した代理人】
 【識別番号】 100096183
 【弁理士】
 【氏名又は名称】 石井 貞次
【選任した代理人】
 【識別番号】 100118773
 【弁理士】
 【氏名又は名称】 藤田 節
【選任した代理人】
 【識別番号】 100119183
 【弁理士】
 【氏名又は名称】 松任谷 優子
【先の出願に基づく優先権主張】
 【出願番号】 特願2003-148242
 【出願日】 平成15年 5月26日
【手数料の表示】
 【予納台帳番号】 015244
 【納付金額】 21,000円
【提出物件の目録】
 【物件名】 特許請求の範囲 1
 【物件名】 明細書 1
 【物件名】 図面 1
 【物件名】 要約書 1

【書類名】 特許請求の範囲**【請求項 1】**

遺伝子型2aのC型肝炎ウイルスのゲノムRNA上の、5'非翻訳領域と、NS3タンパク質、NS4Aタンパク質、NS4Bタンパク質、NS5Aタンパク質及びNS5Bタンパク質をコードする塩基配列と、3'非翻訳領域とを少なくとも含む塩基配列からなる、レプリコンRNA。

【請求項 2】

少なくとも1つの選択マーカー遺伝子又はリポーター遺伝子、及び少なくとも1つのIRES配列を含む、請求項1記載のレプリコンRNA。

【請求項 3】

配列番号9又は10で示される塩基配列からなる5'非翻訳領域と、少なくとも1つの選択マーカー遺伝子若しくはリポーター遺伝子と、IRES配列と、遺伝子型2aのC型肝炎ウイルスのゲノムRNA上のNS3タンパク質、NS4Aタンパク質、NS4Bタンパク質、NS5Aタンパク質及びNS5Bタンパク質をコードする塩基配列と、配列番号11又は12で示される塩基配列からなる3'非翻訳領域とを含む塩基配列からなる、レプリコンRNA。

【請求項 4】

遺伝子型2aのC型肝炎ウイルスのゲノムRNAが、配列番号3又は5で示される塩基配列からなるRNAである、請求項1～3のいずれか1項記載のレプリコンRNA。

【請求項 5】

以下の(a)又は(b)のRNAからなるレプリコンRNA。

(a) 配列番号1又は2で示される塩基配列からなるRNA

(b) 配列番号1又は2で示される塩基配列において1～10個の塩基が欠失、置換又は付加された塩基配列からなり、かつ、自律複製能を有するRNA

【請求項 6】

請求項1～5のいずれか1項記載のレプリコンRNAを細胞に導入することにより作製された、レプリコン複製細胞。

【請求項 7】

細胞が真核細胞である、請求項6記載のレプリコン複製細胞。

【請求項 8】

真核細胞がヒト肝由来細胞、ヒト子宮頸由来細胞、又はヒト胎児腎由来細胞である、請求項7記載のレプリコン複製細胞。

【請求項 9】

真核細胞が、Huh7細胞、HepG2細胞、IMY-N9細胞、HeLa細胞、及び293細胞からなる群より選ばれるいずれかの細胞である、請求項7記載のレプリコン複製細胞。

【請求項 10】

C型肝炎ウイルス感染の治療剤若しくは診断剤の製造、又は評価のための、請求項1～5のいずれか1項記載のレプリコンRNA。

【請求項 11】

C型肝炎ウイルス感染の治療剤若しくは診断剤の製造、又は評価のための、請求項6～9のいずれか1項記載のレプリコン複製細胞。

【請求項 12】

C型肝炎ウイルス感染に対するワクチンの製造のための、請求項1～5のいずれか1項記載のレプリコンRNA。

【請求項 13】

C型肝炎ウイルス感染に対するワクチンの製造のための、請求項6～9のいずれか1項記載のレプリコン複製細胞。

【請求項 14】

請求項6～9のいずれか1項記載のレプリコン複製細胞からレプリコンRNAを抽出することを含む、遺伝子型2aのC型肝炎ウイルスのレプリコンRNAの製造方法。

【請求項 15】

請求項6～9のいずれか1項記載のレプリコン複製細胞を培養し、得られる培養物から

ウイルスタンパク質を取得することを含む、遺伝子型2aのC型肝炎ウイルスのウイルスタンパク質の製造方法。

【請求項 1 6】

被験物質の存在下で、請求項 6～9 のいずれか 1 項記載のレプリコン複製細胞を培養し、得られる培養物中のレプリコンRNAの複製を検出することを含む、C型肝炎ウイルスの複製を促進又は抑制する物質をスクリーニングする方法。

【請求項 1 7】

請求項 6～9 のいずれか 1 項記載のレプリコン複製細胞から複製レプリコンRNAを取得し、取得した複製レプリコンRNAを該レプリコン複製細胞とは別の細胞に導入して新たなレプリコン複製細胞を作製する工程を 1 回以上行うことを含む、遺伝子型2aのC型肝炎ウイルスのレプリコンRNAの複製効率を増大させる方法。

【請求項 1 8】

複製効率の増大が、レプリコン複製細胞に最初に導入されたレプリコンRNAの複製効率と比較して、少なくとも 2 倍の増大である、請求項 1 7 記載の方法。

【請求項 1 9】

請求項 6～9 のいずれか 1 項記載のレプリコン複製細胞から複製レプリコンRNAを取得し、取得した複製レプリコンRNAを該レプリコン複製細胞とは別の細胞に導入して新たなレプリコン複製細胞を作製する工程を 1 回以上行うこと、及び最終的に得られたレプリコン複製細胞から複製レプリコンRNAを取得することを含む、複製効率が増大した遺伝子型2aのC型肝炎ウイルスのレプリコンRNAを製造する方法。

【請求項 2 0】

請求項 1 9 に記載の方法によって製造された複製効率が増大したレプリコンRNAについて、レプリコン複製細胞に最初に導入されたレプリコンRNAとの間の塩基変異又はアミノ酸変異を検出すること、及び複製効率を増大させようとするレプリコンRNAにその検出された塩基変異又はアミノ酸変異を導入することを含む、複製効率が増大した遺伝子型2aのC型肝炎ウイルスのレプリコンRNAを製造する方法。

【請求項 2 1】

配列番号 1 で示される塩基配列上において、以下の (a)～(u)：

- (a) 塩基番号 7 1 5 7 の部位におけるAからGへの変異、
- (b) 塩基番号 4 9 5 5 の部位におけるCからUへの変異、
- (c) 塩基番号 4 9 3 6 の部位におけるAからGへの変異、
- (d) 塩基番号 5 0 0 0 の部位におけるAからGへの変異、
- (e) 塩基番号 7 2 8 8 の部位におけるAからGへの変異、
- (f) 塩基番号 5 9 0 1 の部位におけるGからUへの変異、
- (g) 塩基番号 6 1 1 3 の部位におけるAからUへの変異、
- (h) 塩基番号 2 8 9 0 の部位におけるAからGへの変異、
- (i) 塩基番号 6 8 2 6 の部位におけるCからAへの変異、
- (j) 塩基番号 6 8 8 7 の部位におけるCからAへの変異、
- (k) 塩基番号 6 5 8 0 の部位におけるUからAへの変異、
- (l) 塩基番号 7 1 5 9 の部位におけるUからCへの変異、
- (m) 塩基番号 7 2 3 0 の部位におけるUからAへの変異、
- (n) 塩基番号 6 9 4 3 の部位におけるCからAへの変異、
- (o) 塩基番号 5 6 8 7 の部位におけるGからAへの変異、
- (p) 塩基番号 6 1 1 0 の部位におけるAからGへの変異、
- (q) 塩基番号 5 5 5 0 の部位におけるUからCへの変異、
- (r) 塩基番号 7 2 1 7 の部位におけるAからGへの変異、
- (s) 塩基番号 3 6 4 3 の部位におけるAからGへの変異、
- (t) 塩基番号 5 8 5 1 の部位におけるGからAへの変異、及び
- (u) 塩基番号 5 9 1 4 の部位におけるGからAへの変異、

からなる群より選択される少なくとも 1 つの変異を有する塩基配列からなるレプリコンRNA

A。

【書類名】明細書

【発明の名称】遺伝子型2aのC型肝炎ウイルス（HCV）ゲノム由来の核酸を含む核酸構築物、及び該核酸構築物を導入した細胞

【技術分野】

【0001】

本発明は、遺伝子型2aのC型肝炎ウイルスのレプリコンRNA、該レプリコンRNAを導入したレプリコン複製細胞、及び該レプリコンRNAの複製効率を増大させる方法に関する。

【背景技術】

【0002】

C型肝炎ウイルス（Hepatitis C virus、HCV）は、フラビウイルス科に属する、一本鎖の(+)鎖センスRNAをゲノムとするウイルスであり、C型肝炎の原因となることが知られている。近年の研究により、C型肝炎ウイルスは遺伝子型又は血清型により多数の型に分類されることが分かってきた。現在主流であるHCV遺伝子型の分類法である、SimmondsらによるHCV株の塩基配列を用いた系統解析法ではHCVは遺伝子型1a、遺伝子型1b、遺伝子型2a、遺伝子型2b、遺伝子型3a、遺伝子型3bの6タイプに分類され（非特許文献1）、さらにそれらの各タイプがいくつかのサブタイプに分類されている。現在では、HCVの複数の遺伝子型についてゲノム全長の塩基配列が決定されている（特許文献1及び非特許文献2～5）。

【0003】

HCVは持続的に感染することにより慢性肝炎を引き起こす。現在、世界的規模で認められる慢性肝炎の主たる原因がHCV持続感染である。実際、持続感染者の50%程度が慢性肝炎を発症し、そのうち約20%の患者が10年～20年を経て肝硬変に移行し、さらにその一部は肝癌といった致死的な病態へと進展する。

【0004】

C型肝炎に対する現在の主な治療は、インターフェロン α 、インターフェロン β 、及びインターフェロン α とプリンヌクレオシド誘導体であるリバビリンとの併用療法により行われている。しかしながら、これらの治療を行っても、全治療者の約60%に治療効果が認められるだけであり、効果が出た後に治療を中止すると半分以上の患者が再燃する。インターフェロンの治療効果は、HCVの遺伝子型と関連することが知られており、遺伝子型1bに対しては効果が低く、遺伝子型2aに対してはより効果が高いと言われている（非特許文献6）。

【0005】

工業国において罹患率が高く、最終的に深刻な結果を招き、かつ現在は原因治療法が存在しないC型肝炎に対する効果的な治療薬又は予防薬の開発は重要な目標である。そのため、HCV特異的な化学療法、ワクチン療法の発展が切望されている。抗HCV薬開発のターゲットとしては、HCVの複製抑制やHCVの細胞感染の抑制が考えられる。

【0006】

最近まで、HCVを細胞培養系で増やすこと、培養細胞に感染させることは困難であり、また、HCVに感染可能かつ実験可能な動物はチンパンジーしかなかったため、HCVの複製機構や感染機構の研究は困難であった。しかし最近になって、HCV由来の自律複製能を有するRNAとして、HCVサブゲノムRNAレプリコンが作製されたことにより（特許文献2、非特許文献7～10）、培養細胞を用いてHCVの複製機構を解析することが可能となった。これらのHCVサブゲノムRNAレプリコンは、遺伝子型1bのHCVゲノムRNAの5'非翻訳領域中のHCV IRESの下流に存在する構造タンパク質を、ネオマイシン耐性遺伝子及びその下流に連結したEMCV IRESによって置換したものである。このRNAレプリコンは、ヒト肝癌細胞Huh7に導入してネオマイシン存在下で培養することにより、Huh7細胞内で自律複製することが証明された。

【0007】

しかしながら、このようなHCVの細胞内RNA複製系は、未だ遺伝子型1bのHCVのゲノムRNAを用いたものしか作製されていない。異なる遺伝子型のHCVではコードされるウイルスタ

ンパク質にも違いがあることが報告されていることから、遺伝子型1bのHCV由来のサブゲノムRNAレプリコンの解析だけでは、HCVの複製機構を十分に解明することは難しいと考えられる。さらに、インターフェロンの治療効果がHCVの遺伝子型によって異なることから、遺伝子型1bのHCVのサブゲノムRNAレプリコンを含むHCV複製系のみを用いて色々なタイプのHCVに効果を及ぼす抗HCV薬を開発することは特に難しいと考えられる。

【0008】

【特許文献1】特開2002-171978号公報

【特許文献2】特開2001-17187号公報

【非特許文献1】Simmonds, P. et al, Hepatology, (1994) 10, p. 1321-1324

【非特許文献2】Choo et al., Science, (1989) 244, p. 359-362

【非特許文献3】Kato et al., J. Med. Virol., (2001) 64(3) p. 334-339

【非特許文献4】Okamoto, H et al, J. Gen. Virol., (1992) 73 p. 673-679

【非特許文献5】Mori, S. et al, Biochem. Biophys. Res. Commun., (1992) 183, p. 334-342

【非特許文献6】Yoshioka et al., Hepatology, (1992) 16(2): p. 293-299

【非特許文献7】Lohmann et al., Science, (1999) 285, p. 110-113

【非特許文献8】Blight et al., Science, (2000) 290, p. 1972-1974

【非特許文献9】Friebe et al., J. Virol., (2001) 75(24): p. 12047-12057

【非特許文献10】Ikeda et al., J. Virol., (2002) 76(6): p. 2997-3006

【発明の開示】**【発明が解決しようとする課題】****【0009】**

本発明は、未だレプリコンRNAが作製されていない遺伝子型のHCV由来のレプリコンRNAを提供することを目的とする。

【課題を解決するための手段】**【0010】**

本発明者らは、上記課題を解決すべく鋭意研究を行った結果、遺伝子型2aのHCVのレプリコンRNAを作製することに成功した。

【0011】

すなわち、本発明は以下のとおりである。

[1] 遺伝子型2aのC型肝炎ウイルスのゲノムRNA上の、5'非翻訳領域と、NS3タンパク質、NS4Aタンパク質、NS4Bタンパク質、NS5Aタンパク質及びNS5Bタンパク質をコードする塩基配列と、3'非翻訳領域とを少なくとも含む塩基配列からなる、レプリコンRNA。このレプリコンRNAは、少なくとも1つの選択マーカー遺伝子又はリポーター遺伝子、及び少なくとも1つのIRES配列をさらに含むことが好ましい。

[2] 配列番号9又は10のいずれか1つで示される塩基配列からなる5'非翻訳領域と、少なくとも1つの選択マーカー遺伝子若しくはリポーター遺伝子と、IRES配列と、遺伝子型2aのC型肝炎ウイルスのゲノムRNA上のNS3タンパク質、NS4Aタンパク質、NS4Bタンパク質、NS5Aタンパク質及びNS5Bタンパク質をコードする塩基配列と、配列番号11又は12のいずれか1つで示される塩基配列からなる3'非翻訳領域とを含む塩基配列からなる、レプリコンRNA。

[3] 遺伝子型2aのC型肝炎ウイルスのゲノムRNAが、配列番号3又は5で示される塩基配列からなるRNAである、上記[1]又は[2]記載のレプリコンRNA。

[4] 以下の(a)又は(b)のRNAからなるレプリコンRNA。

(a) 配列番号1又は2で示される塩基配列からなるRNA

(b) 配列番号1又は2で示される塩基配列において1～10個の塩基が欠失、置換又は付加された塩基配列からなり、かつ、自律複製能を有するRNA

[5] 上記[1]～[4]記載のいずれかのレプリコンRNAを細胞に導入することにより作製された、レプリコン複製細胞。このレプリコン複製細胞において、レプリコンRNAを導入する細胞は、真核細胞であることが好ましく、ヒト肝由来細胞、ヒト子宮頸由来細胞、又はヒ

ト胎児腎由来細胞であることがより好ましく、Huh7細胞、HepG2細胞、IMY-N9細胞、HeLa細胞、及び293細胞からなる群より選ばれるいずれかの細胞であることがさらに好ましい。

[6] C型肝炎ウイルス感染の治療剤若しくは診断剤の製造、又は評価のための、上記[1]～[4]記載のレプリコンRNA。

[7] C型肝炎ウイルス感染の治療剤若しくは診断剤の製造、又は評価のための、上記[5]記載のレプリコン複製細胞。

[8] C型肝炎ウイルス感染に対するワクチンの製造のための、上記[1]～[4]記載のレプリコンRNA。

[9] C型肝炎ウイルス感染に対するワクチンの製造のための、上記[5]記載のレプリコン複製細胞。

[10] 上記[5]記載のレプリコン複製細胞からレプリコンRNAを抽出することを含む、遺伝子型2aのC型肝炎ウイルスのレプリコンRNAの製造方法。

[11] 上記[5]記載のレプリコン複製細胞を培養し、得られる培養物からウイルスタンパク質を取得することを含む、遺伝子型2aのC型肝炎ウイルスのウイルスタンパク質の製造方法。

[12] 被験物質の存在下で、上記[5]記載のレプリコン複製細胞を培養し、得られる培養物中のレプリコンRNAの複製を検出することを含む、C型肝炎ウイルスの複製を促進又は抑制する物質をスクリーニングする方法。

[13] 上記[5]記載のレプリコン複製細胞から複製レプリコンRNAを取得し、取得した複製レプリコンRNAを該レプリコン複製細胞とは別の細胞に導入して新たなレプリコン複製細胞を作製する工程を1回以上行うことを含む、遺伝子型2aのC型肝炎ウイルスのレプリコンRNAの複製効率を増大させる方法。この方法においては、複製効率の増大が、レプリコン複製細胞に最初に導入されたレプリコンRNAの複製効率と比較して、少なくとも2倍の増大であることがより好ましい。

[14] 上記[5]記載のレプリコン複製細胞から複製レプリコンRNAを取得し、取得した複製レプリコンRNAを該レプリコン複製細胞とは別の細胞に導入して新たなレプリコン複製細胞を作製する工程を1回以上行うこと、及び最終的に得られたレプリコン複製細胞から複製レプリコンRNAを取得することを含む、複製効率が増大した遺伝子型2aのC型肝炎ウイルスのレプリコンRNAを製造する方法。

[15] 上記[14]記載の方法によって製造された複製効率が増大したレプリコンRNAについて、レプリコン複製細胞に最初に導入されたレプリコンRNAとの間の塩基変異又はアミノ酸変異を検出すること、及び複製効率を増大させようとするレプリコンRNAにその検出された塩基変異又はアミノ酸変異を導入することを含む、複製効率が増大した遺伝子型2aのC型肝炎ウイルスのレプリコンRNAを製造する方法。

[16] 配列番号1で示される塩基配列上において、以下の(a)～(u):

- (a) 塩基番号7157の部位におけるAからGへの変異、
- (b) 塩基番号4955の部位におけるCからUへの変異、
- (c) 塩基番号4936の部位におけるAからGへの変異、
- (d) 塩基番号5000の部位におけるAからGへの変異、
- (e) 塩基番号7288の部位におけるAからGへの変異、
- (f) 塩基番号5901の部位におけるGからUへの変異、
- (g) 塩基番号6113の部位におけるAからUへの変異、
- (h) 塩基番号2890の部位におけるAからGへの変異、
- (i) 塩基番号6826の部位におけるCからAへの変異、
- (j) 塩基番号6887の部位におけるCからAへの変異、
- (k) 塩基番号6580の部位におけるUからAへの変異、
- (l) 塩基番号7159の部位におけるUからCへの変異、
- (m) 塩基番号7230の部位におけるUからAへの変異、
- (n) 塩基番号6943の部位におけるCからAへの変異、

- (o) 塩基番号 5 6 8 7 の部位における G から A への変異、
 - (p) 塩基番号 6 1 1 0 の部位における A から G への変異、
 - (q) 塩基番号 5 5 5 0 の部位における U から C への変異、
 - (r) 塩基番号 7 2 1 7 の部位における A から G への変異、
 - (s) 塩基番号 3 6 4 3 の部位における A から G への変異、
 - (t) 塩基番号 5 8 5 1 の部位における G から A への変異、及び
 - (u) 塩基番号 5 9 1 4 の部位における G から A への変異、
- からなる群より選択される少なくとも 1 つの変異を有する塩基配列からなるレプリコン RNA。

【発明の効果】**【0012】**

本発明により、遺伝子型 2a の HCV 株に由来する HCV-RNA レプリコンが初めて提供された。本発明に係るレプリコン複製細胞は、遺伝子型 2a の HCV 由来の RNA 及び HCV タンパク質を持続的に産生させるための培養系として用いることができる。さらに本発明に係るレプリコン複製細胞は、HCV の複製及び／又は HCV タンパク質の翻訳に影響を及ぼす各種物質をスクリーニングするための試験系として有用である。

【発明を実施するための最良の形態】**【0013】**

以下、本発明を詳細に説明する。

【0014】**1. 本発明に係る HCV 由来のレプリコン RNA**

C 型肝炎ウイルス (HCV) のゲノムは、約 9600 ヌクレオチドからなる (+) 鎖の一本鎖 RNA である。このゲノム RNA は、5' 非翻訳領域 (5' NTR 又は 5' UTR と表記する)、構造領域と非構造領域とから構成される翻訳領域、及び 3' 非翻訳領域 (3' NTR 又は 3' UTR と表記する) からなる。その構造領域には HCV の構造タンパク質がコードされており、非構造領域には複数の非構造タンパク質がコードされている。

【0015】

このような HCV の構造タンパク質と非構造タンパク質は、翻訳領域から一続きのポリプロテインとして翻訳された後、プロテアーゼによって限定分解を受けて構造タンパク質 (Core、E1、及び E2) と非構造タンパク質 (NS2、NS3、NS4A、NS4B、NS5A、及び NS5B) とが各タンパク質として遊離することにより、生成される。これらの構造タンパク質及び非構造タンパク質 (すなわち、HCV のウイルスタンパク質) のうち、Core はコアタンパク質であり、E1 及び E2 はエンベロープタンパク質であり、非構造タンパク質 (NS2、NS3、NS4A、NS4B、NS5A、及び NS5B) はウイルス自身の複製に関与するタンパク質である。NS2 はメタロプロテアーゼ活性、NS3 はセリンプロテアーゼ活性 (N 末端側の 3 分の 1) とヘリカーゼ活性 (C 末端側の 3 分の 2) を有することが知られている。また NS4A は NS3 のプロテアーゼ活性に対するコファクターであり、NS5B は RNA 依存 RNA ポリメラーゼ活性を有することも報告されている。そして、遺伝子型 2a の HCV のゲノムも同様の遺伝子構造を有することがすでに報告されている (特許文献 1)。

【0016】

本発明者らは、このような遺伝子型 2a の HCV ゲノムを用いて、自律的に複製することが可能な RNA を構築した。すなわち本発明の HCV 由来のレプリコン RNA は、遺伝子型 2a の HCV ゲノムの全体又は部分 RNA を含む自律複製能を有する RNA 構築物である。

【0017】

本明細書では、自律複製能を有しており HCV ウイルスゲノムを改変して作製された RNA を、「レプリコン RNA」又は「RNA レプリコン」と呼び、遺伝子型 2a の HCV から人為的に作製される自律複製能を有する RNA を、遺伝子型 2a の HCV 由来のレプリコン RNA と称する。本明細書において HCV 由来のレプリコン RNA は、HCV-RNA レプリコンとも称する。

【0018】

本発明において、「遺伝子型 2a の C 型肝炎ウイルス」「遺伝子型 2a の HCV」とは、Simmo

ndsらによる国際分類に従って遺伝子型2aと同定されるC型肝炎ウイルスを意味する。本発明における「遺伝子型2aのC型肝炎ウイルス」「遺伝子型2aのHCV」には、天然由来のHCVゲノムRNAを有するウイルスだけでなく、天然由来のHCVゲノム配列に人為的な改変を加えたゲノムRNAを有するウイルスも包含する。遺伝子型2aのHCVの具体例としては、JFH-1株及びJCH-1株（特許文献1）等のウイルスが挙げられる。

【0019】

さらに「遺伝子型2aのC型肝炎ウイルスのゲノムRNA」とは、遺伝子型2aのC型肝炎ウイルスの一本鎖の(+)鎖センスRNAからなるゲノムの全領域にわたる塩基配列を有するRNAを意味する。限定するものではないが、遺伝子型2aのC型肝炎ウイルスのゲノムRNAは、好ましくは配列番号3又は5で示される塩基配列からなるRNAである。

【0020】

本願明細書において、「5'非翻訳領域（5'NTR又は5'UTR）」、「NS3タンパク質、NS4Aタンパク質、NS4Bタンパク質、NS5Aタンパク質及びNS5Bタンパク質をコードする配列」、「Coreタンパク質をコードする配列（Core領域又はC領域）」、「E1タンパク質をコードする配列（E1領域）」、「E2タンパク質をコードする配列（E2領域）」、「N2タンパク質をコードする配列（NS2領域）」、「NS3タンパク質をコードする配列（NS3領域）」、「NS4Aタンパク質をコードする配列（NS4A領域）」、「NS4Bタンパク質をコードする配列（NS4B領域）」、「NS5Aタンパク質をコードする配列（NS5A領域）」、「NS5Bタンパク質をコードする配列（NS5B領域）」、及び「3'非翻訳領域（3'NTR又は3'UTR）」、並びにその他の特定の領域若しくは部位は、遺伝子型2aのHCVであるJFH-1株のゲノム全領域をコードする全長cDNA（JFH-1クローン）の塩基配列（配列番号3）を基準として、定めるものとする。配列番号3の塩基配列は、国際DNAデータバンク（DDBJ/EMBL/GenBank）からアクセッション番号AB047639により取得可能である。具体的には、配列番号3で示される塩基配列に対して特定のHCVのRNA配列をアラインメントしたときに、配列番号3で示される塩基配列上の塩基番号1～340にアラインメントされる配列がそのRNAの「5'非翻訳領域」、同塩基番号3431～9442にアラインメントされる配列が「NS3タンパク質、NS4Aタンパク質、NS4Bタンパク質、NS5Aタンパク質及びNS5Bタンパク質をコードする配列」、同塩基番号3431～5323にアラインメントされる配列が「NS3タンパク質をコードする配列」、塩基番号5324～5485にアラインメントされる配列が「NS4Aタンパク質をコードする配列」、同塩基番号5486～6268にアラインメントされる配列が「NS4Bタンパク質をコードする配列」、同塩基番号6269～7666にアラインメントされる配列が「NS5Aタンパク質をコードする配列」、塩基番号7667～9442にアラインメントされる配列が「NS5Bタンパク質をコードする配列」、同塩基番号9443～9678にアラインメントされる配列が「3'非翻訳領域」である。また、この場合「アラインメント」される配列にはギャップ、付加、欠失、置換等が存在していてもよい。さらに上記の「特定のHCV」は、限定するものではないが、JFH-1株若しくはJCH-1株又はそれらの誘導体であるウイルス株を包含する。

【0021】

本発明に係るHCV RNA-レプリコンの一つの実施形態は、遺伝子型2aのC型肝炎ウイルスのゲノムRNA上の、5'非翻訳領域と、NS3タンパク質、NS4Aタンパク質、NS4Bタンパク質、NS5Aタンパク質及びNS5Bタンパク質をコードする配列と、3'非翻訳領域とを少なくとも含む塩基配列からなる、レプリコンRNAである。このレプリコンRNAは、少なくとも1つの選択マーカー遺伝子若しくはリポーター遺伝子、及び少なくとも1つのIRES配列をさらに含んでもよい。さらにこのレプリコンRNAは、遺伝子型2aのC型肝炎ウイルスのゲノムRNA上の、NS3、NS4A、NS4B、NS5A及びNS5Bタンパク質以外のウイルスタンパク質をコードする配列を、含んでもよい。

【0022】

本発明に係るHCV RNA-レプリコンの別の好適な実施形態は、配列番号9又は10で示される塩基配列からなる5'非翻訳領域と、少なくとも1つの選択マーカー遺伝子若しくはリポーター遺伝子と、IRES配列と、遺伝子型2aのC型肝炎ウイルスのゲノムRNA上のNS3タンパク質、NS4Aタンパク質、NS4Bタンパク質、NS5Aタンパク質及びNS5Bタンパク質をコード

する配列と、配列番号 11 又は 12 で示される塩基配列からなる 3' 非翻訳領域とを含む塩基配列からなる、レプリコン RNA である。ここで配列番号 9 及び 10 で示される塩基配列は、それぞれ、本発明に係るレプリコン RNA である rSGREP-JFH1 (配列番号 1) 及び rSGREP-JCH1 (配列番号 2) の 5' 非翻訳領域の配列である。また配列番号 11 及び 12 で示される塩基配列は、それぞれ、本発明に係るレプリコン RNA である rSGREP-JFH1 (配列番号 1) 及び rSGREP-JCH1 (配列番号 2) の 3' 非翻訳領域の配列である。

【0023】

本発明に係る HCV RNA-レプリコンのさらに好ましい 1 つの実施形態は、配列番号 1 又は 2 で示される塩基配列からなる RNA からなるレプリコン RNA である。さらに、この配列番号 1 又は 2 で示される塩基配列において、1~50 個、1~30 個、1~10 個、1~6 個、1~数個 (2~5 個) の塩基が欠失、置換又は付加された塩基配列からなるレプリコン RNA であって、かつ、自律複製能を有する RNA も、好適な実施形態として本発明の範囲に含まれる。本発明において「自律複製能を有する」とは、レプリコン RNA を細胞中に導入したときに、そのレプリコン RNA が細胞内でそのレプリコン RNA 自身の全長を複製することができることを意味する。限定するものではないが、この自律複製能は、例えば、レプリコン RNA を Huh7 細胞中にトランスフェクションし、Huh7 細胞を培養し、得られる培養物中の細胞から抽出した RNA について、導入したレプリコン RNA を特異的に検出可能なプローブを用いたノーザンブロットハイブリダイゼーションを行ってレプリコン RNA の存在を検出することにより、確認することができる。自律複製能を確認するための具体的な操作は、本明細書の実施例に記載されたコロニー形成能の測定、HCV タンパク質の発現確認、レプリコン RNA の検出等の記載に従って行うことができる。

【0024】

本発明において「選択マーカー遺伝子」とは、その遺伝子が発現された細胞だけが選択されるような選択性を細胞に付与することができる遺伝子を意味する。選択マーカー遺伝子の一般的な例としては抗生物質耐性遺伝子が挙げられる。本発明において好適な選択マーカー遺伝子の例としては、ネオマイシン耐性遺伝子、チミジンキナーゼ遺伝子、カナマイシン耐性遺伝子、ピリチアミン耐性遺伝子、アデニリルトランスフェラーゼ遺伝子、ゼオシン耐性遺伝子、ピューロマイシン耐性遺伝子等が挙げられるが、ネオマイシン耐性遺伝子、チミジンキナーゼ遺伝子が好ましく、ネオマイシン耐性遺伝子がさらに好ましい。但し本発明における選択マーカー遺伝子はこれらに限定されるものではない。

【0025】

また本発明において「リポーター遺伝子」とは、その遺伝子発現の指標となる遺伝子産物をコードするマーカー遺伝子を意味する。リポーター遺伝子の一般的な例としては、発光反応や呈色反応を触媒する酵素の構造遺伝子が挙げられる。本発明において好適なリポーター遺伝子の例としては、トランスポゾン Tn9 由来のクロラムフェニコールアセチルトランスフェラーゼ遺伝子、大腸菌由来の β グルクロニダーゼ若しくは β ガラクトシダーゼ遺伝子、ルシフェラーゼ遺伝子、緑色蛍光タンパク質遺伝子、クラゲ由来のイクリオン遺伝子、分泌型胎盤アルカリフォスファターゼ (SEAP) 遺伝子等が挙げられる。但し本発明におけるリポーター遺伝子はこれらに限定されるものではない。

【0026】

上記の選択マーカー遺伝子及びリポーター遺伝子は、レプリコン RNA 中にどちらか一方のみが含まれていてもよいし、両方が含まれていてもよい。

【0027】

本発明における「IRES 配列」とは、RNA の内部にリボソームを結合させて翻訳を開始させることが可能な内部リボソーム結合部位を意味する。本発明における IRES 配列の好適な例としては、以下に限定するものではないが EMCV IRES (脳心筋炎ウイルスの内部リボソーム結合部位)、FMDV IRES、HCV IRES 等が挙げられるが、EMCV IRES 及び HCV IRES がより好ましく、EMCV IRES が最も好ましい。

【0028】

さらに本発明に係るレプリコン RNA は、他の HCV 株又は他の遺伝子型の HCV のゲノム RNA 上

の配列を含んでもよい。例えば、遺伝子型1bのHCVゲノムの断片を含んでもよい。他のHCV株としては、例えばHCV-1、HCV-H、HC-J1、HCT-18、H77、DK-7、US11、S14、HCT23、HCV-Th、DR1、DR4、HCT27、S18、SW1、DK9、H90、TD-6E1、S9、HCV-BK、T10、DK1、HC-J4、HC-V-J、HK3、HK8、HK5、HCV-G3、IND5、IND8、P10、D1、D3、SW2、T3、S45、SA10、US6、HC-V-JK1、HCV-JK4、HCV-JK3、HCV-JK2、HCV-JT、HC-J2、HCV-T、HK4、HC-G9、Z1、Bi、S.I.、Cho、J.M.、HCV-J6、T4、T9、US10、HC-J5、T2、HC-J7、DK11、SW3、DK8、T8、HC-J8、S83、HK2、HC-J6、HC-J8、BEBE1、HCV-J6、HCV-J8、HD10-2、BR36-9、S52、S54、S2、BR33-1、HK10、DK12、HCV-TR、BA-1、BA-2、DK13、Z1、Z4、Z6、Z7、HK2、SA1、SA4、SA5、SA7、SA13、SA6、NZL1、SA30、EG-13、HCV-K3a/650、ED43、EUH1480、EUHK2、Th580、VN235、VN405、VN004、JK049、JK046、JFH-1、JCH-1、JCH-2、JCH-3、JCH-4、JCH-5、JCH-6、J6CF、H77等が挙げられるが、これらに限定するものではない。

【0029】

本発明に係るレプリコンRNAは、好ましくは、最も5'側に遺伝子型2aのHCVのゲノムRNA上の5'非翻訳領域を、最も3'側に遺伝子型2aのHCVのゲノムRNA上の3'非翻訳領域を有する。選択マーカー遺伝子又はリポーター遺伝子は、IRES配列の上流に連結されてもよいし、「NS3タンパク質、NS4Aタンパク質、NS4Bタンパク質、NS5Aタンパク質及びNS5Bタンパク質をコードする配列」の上流又は下流に連結されてもよいし、「NS3タンパク質、NS4Aタンパク質、NS4Bタンパク質、NS5Aタンパク質及びNS5Bタンパク質をコードする配列」の中に挿入されてもよい。

【0030】

本発明に係るレプリコンRNAは、より好ましくは、最も5'側に遺伝子型2aのHCVのゲノムRNA上の5'非翻訳領域を有し、それよりも下流に選択マーカー遺伝子若しくはリポーター遺伝子と、IRES配列と、「NS3タンパク質、NS4Aタンパク質、NS4Bタンパク質、NS5Aタンパク質及びNS5Bタンパク質をコードする配列」とをこの順番で有し、さらに最も3'側に遺伝子型2aのHCVのゲノムRNA上の3'非翻訳領域を有する。

【0031】

本発明に係るレプリコンRNAには、上記したような配列の他に、レプリコンRNAを導入する細胞内で発現させたい任意の外来遺伝子を含むRNAを含んでもよい。外来遺伝子は、5'非翻訳領域の下流に連結してもよいし、選択マーカー遺伝子若しくはリポーター遺伝子の上流又は下流に連結させてもよいし、「NS3タンパク質、NS4Aタンパク質、NS4Bタンパク質、NS5Aタンパク質及びNS5Bタンパク質をコードする配列」の上流又は下流に連結してもよいし、「NS3タンパク質、NS4Aタンパク質、NS4Bタンパク質、NS5Aタンパク質及びNS5Bタンパク質をコードする配列」の中に挿入してもよい。外来遺伝子を含むレプリコンRNAは、導入された細胞内で翻訳される際に、該外来遺伝子にコードされたタンパク質を発現することができる。従って外来遺伝子を含むレプリコンRNAは、遺伝子治療などの、特定の遺伝子産物を細胞内で生成させることを目的とする場合にも、好適に使用することができる。

【0032】

また本発明に係るレプリコンRNAには、さらにリボザイムを含んでもよい。リボザイムは、5'側のレプリコンRNA中の選択マーカー遺伝子、リポーター遺伝子又は外来遺伝子と、それより3'側のIRES配列及び「NS3タンパク質、NS4Aタンパク質、NS4Bタンパク質、NS5Aタンパク質及びNS5Bタンパク質をコードする配列」とを連結するように挿入し、リボザイムの自己切断活性により両者が切断されて分離することができる。

【0033】

本発明に係るレプリコンRNAにおいては、上述したような選択マーカー遺伝子、リポーター遺伝子、遺伝子型2aのC型肝炎ウイルスのゲノムRNA上のウイルスタンパク質をコードする配列、遺伝子型2a以外のHCVのウイルスタンパク質コード配列、及び外来遺伝子等が、レプリコンRNAから正しい読み枠で翻訳されるように連結される。それらの配列のうちでタンパク質をコードする配列は、遺伝子型2aのC型肝炎ウイルスの「NS3タンパク質、NS4Aタンパク質、NS4Bタンパク質、NS5Aタンパク質及びNS5Bタンパク質をコードする配列」

列」から翻訳されるポリタンパク質とともに融合タンパク質として発現させた後で、プロテアーゼによって各タンパク質へと分離するように、プロテアーゼ切断部位等を介して互いに連結させてもよい。

【0034】

2. 本発明に係るレプリコンRNAの作製

本発明に係るHCV RNA-レプリコンは、当業者に公知である任意の遺伝子工学的手法を用いて作製することができる。限定するものではないが、HCV RNA-レプリコンは、例えば以下のような方法で作製することができる。

【0035】

まず、遺伝子型2aのC型肝炎ウイルスのゲノムRNAの全領域に対応するDNAを、常法によりRNAプロモーターの下流に連結し、DNAクローンを作製する。ここで、「RNAに対応するDNA」とは、当該RNAの塩基配列のU（ウラシル）をT（チミン）に置き換えた塩基配列を有するDNAを意味する。前記RNAプロモーターは、プラスミドクローン中に含まれるものであることが好ましい。RNAプロモーターとしては、限定するものではないが、T7 RNAプロモーターが特に好ましい。

【0036】

次に、作製したDNAクローンについて、例えば、5'非翻訳領域の下流に位置する構造領域（Core配列、E1配列、E2配列）及びNS2タンパク質をコードする配列を、選択マーカー遺伝子若しくはレポーター遺伝子とその下流に連結したIRES配列とを含むDNA断片によって置換する。この置換においては、構造領域以外の部分、例えば5'非翻訳領域の3'末端側の断片及びNS3タンパク質をコードする配列の一部が、別の遺伝子型のHCVに由来する配列に置換されてもよい。

【0037】

次いで、その置換したDNAクローンを鋳型として、RNAポリメラーゼによりRNAを合成する。RNA合成は、5'非翻訳領域及びIRES配列から、常法により開始させることができる。鋳型DNAがプラスミドクローンの場合には、そのプラスミドクローンから、RNAプロモーターの下流に連結された上記DNA領域を制限酵素によって切り出して、そのDNA断片を鋳型として用いてRNAを合成することもできる。なお、好ましくは合成されるRNAの3'末端がウイルスゲノムRNAの3'非翻訳領域と一致し、他の配列が付加されたり削除されたりしないことが好ましい。このようにして合成されたRNAが、本発明に係るレプリコンRNAである。

【0038】

3. 遺伝子型2aのHCVのレプリコンRNAを導入したレプリコン複製細胞の作製

上記のようにして作製されるレプリコンRNAを、レプリコンRNAを複製させるべき細胞に導入することにより、レプリコンRNAが持続的に複製されている細胞を得ることができる。本明細書では、レプリコンRNAが持続的に増幅されている細胞を「レプリコン複製細胞」と称する。

【0039】

レプリコンRNAを導入する細胞としては、継代培養することが可能な細胞であれば任意の細胞を用いることができるが、真核細胞であることが好ましく、ヒト肝由来細胞、ヒト子宮頸由来細胞、又はヒト胎児腎由来細胞であることがより好ましく、Huh7細胞、HepG2細胞、IMY-N9細胞、HeLa細胞、及び293細胞からなる群より選ばれるいずれかの細胞であることがさらに好ましい。これらの細胞は、市販のものを利用してもよいし、細胞寄託機関から入手して使用してもよいし、任意の細胞（例えば癌細胞又は幹細胞）から株化した細胞を使用してもよい。

【0040】

前記細胞は、ワクチン製造のようにHCVタンパクの大量製造を目的とする場合には、大量培養が可能な細胞を用いることが望ましい。そのような観点からは、Huh7細胞以外の細胞であることが好ましい。

【0041】

レプリコンRNAの細胞内への導入は、当業者には公知の任意の技術を使用して行うこと

ができる。そのような導入法としては、例えば、エレクトロポレーション、パーティクルガン法、リポフェクション法、リン酸カルシウム法、マイクロインジェクション法、DEAEセファロース法等が挙げられるが、エレクトロポレーションによる方法が特に好ましい。

【0042】

レプリコンRNAは、目的のレプリコンRNAを単独で導入してもよいし、他の核酸と混合させたものを導入してもよい。導入するRNA量を一定にしてレプリコンRNAの量を変化させた場合には、目的のレプリコンRNAを、導入する細胞から抽出したトータル細胞性RNAと混合して、細胞内導入に用いればよい。細胞内導入に用いるレプリコンRNAの量は、使用する導入法に応じて決めればよいが、好ましくは1ピコグラム～100マイクログラム、より好ましくは10ピコグラム～10マイクログラムの量を使用する。

【0043】

細胞内導入のために選択マーカー遺伝子又はリポーター遺伝子を含有するレプリコンRNAを用いる場合には、そのレプリコンRNAが導入され持続的に複製している細胞を、選択マーカー遺伝子又はリポーター遺伝子の発現を利用して、選択することができる。具体的には、例えば、そのようなレプリコンRNAの細胞内導入処理を施した細胞を、選択マーカー遺伝子又はリポーター遺伝子の発現により選択可能となる培地において培養すればよい。一例として、レプリコンRNAにネオマイシン耐性遺伝子が選択マーカー遺伝子として含まれる場合には、そのレプリコンRNAを用いて細胞内導入処理した細胞を培養ディッシュに播種し、16～24時間培養した後に、培養ディッシュにG418（ネオマイシン）を0.05ミリグラム/ミリリットル～3.0ミリグラム/ミリリットルの濃度で添加し、その後、週に2回培養液を交換しながら培養を継続し、播種時から好ましくは10日間～40日間、より好ましくは14日間～28日間培養した後にクリスタルバイオレットで生存細胞を染色することにより、レプリコンRNAが導入され持続的に複製されている細胞を、形成されたコロニーとして選択することができる。

【0044】

形成されたコロニーからは、常法により生存細胞をクローン化し、培養を継続することにより、細胞をクローン化することができる。このようにして得られる目的のレプリコンRNAが持続的に複製されている細胞クローンを、本明細書では「レプリコン複製細胞クローン」と称する。

【0045】

樹立した細胞クローンについては、導入されたレプリコンRNAから該細胞クローン中で複製されているレプリコンRNAの検出、導入されたレプリコンRNA中の選択マーカー遺伝子又はリポーター遺伝子の宿主ゲノムDNAへの組み込みの有無の確認、及びHCVタンパク質の発現の確認を行って、実際に目的のレプリコンRNAが持続的に複製されていることを確認することが好ましい。

【0046】

導入されたレプリコンRNAから該細胞クローン中で複製されたレプリコンRNA（本明細書中では、以下便宜的に、「複製レプリコンRNA」と称する）の検出は、当業者には公知の任意のRNA検出法に従って行えばよいが、例えば、細胞クローンから抽出したトータルRNAについて、導入されたレプリコンRNAに対して特異的なDNA断片をプローブとして用いるノーザンハイブリダイゼーション法を実施することにより検出することができる。

【0047】

また導入されたレプリコンRNA中の選択マーカー遺伝子又はリポーター遺伝子の宿主ゲノムDNAへの組み込みの有無の確認は、限定するものではないが、例えば、細胞クローンから抽出した宿主ゲノムDNAについて該選択マーカー遺伝子又はリポーター遺伝子の少なくとも一部を増幅するPCRを行い、その増幅産物の有無を確認することによって行うことができる。増幅産物が確認された細胞クローンでは、宿主ゲノム中に選択マーカー遺伝子又はリポーター遺伝子が組み込まれていると判断されることから、レプリコンRNA自体は該細胞内で持続的に複製されていない可能性がある。この場合、レプリコンRNAが持続的に複製されているか否かを、次に示すHCVタンパク質の発現の確認実験によって、確認す

ることができる。

【0048】

HCVタンパク質の発現の確認は、例えば、導入されたレプリコンRNAから発現されるべきHCVタンパク質に対する抗体を、細胞クローンから抽出したタンパク質と反応させることによって行うことができる。この方法は、当業者には公知の任意のタンパク質検出法によって行うことができるが、具体的には例えば、細胞クローンから抽出したタンパク質試料をニトロセルロース膜にブロッティングし、それに対して抗HCVタンパク質抗体（例えば、抗NS3特異的抗体、又はC型肝炎患者から採取した抗血清）を反応させ、さらにその抗HCVタンパク質抗体を検出することによって行うことができる。細胞クローンから抽出したタンパク質中からHCVタンパク質が検出されれば、その細胞クローンは、HCV由来のレプリコンRNAが持続的に複製してHCVタンパク質を発現しているものと判断することができる。

【0049】

以上のようにして、目的のレプリコンRNAを持続的に複製していることが確認された細胞クローン（レプリコン複製細胞クローン）を得ることができる。また本発明においては、このレプリコン複製細胞から、例えばRNAを抽出しその中からレプリコンRNAを電気泳動法により分離する等の当業者には公知の任意の方法により、レプリコンRNAを取得することができる。本発明はそのようなレプリコンRNAの製造方法にも関する。さらに本発明に係るレプリコン複製細胞は、HCVタンパク質を製造するために好適に使用することができる。レプリコン複製細胞からのHCVタンパク質の取得は、当業者であれば常法に従って行うことができる。具体的には例えば、レプリコン複製細胞を培養し、得られる培養物（培養細胞及び培養培地を含む）から常法によりタンパク質を採取し、さらにそのタンパク質から、抗HCVタンパク質抗体を用いた検出等によりウイルスタンパク質を選択的に得ることにより、遺伝子型2aのC型肝炎ウイルスのウイルスタンパク質を製造することができる。

【0050】

また本発明に係るレプリコン複製細胞が、外来遺伝子を含有するレプリコンRNAを持続的に複製している場合には、そのレプリコン複製細胞を用いて外来遺伝子にコードされるタンパク質を発現させて取得することができる。具体的には例えば、レプリコン複製細胞を培養し、得られる培養物（培養細胞及び培養培地を含む）から常法によりタンパク質を採取し、さらにそのタンパク質から、目的のタンパク質に対する抗体を用いた検出等によりタンパク質を選択的に得ることにより、外来遺伝子にコードされたタンパク質を取得することができる。

【0051】**4. 遺伝子型2aのHCVのレプリコンRNAへの複製効率を増大させる突然変異の導入**

本発明に係るレプリコン複製細胞において複製され生成されたレプリコンRNA（複製レプリコンRNA）には、複製効率を向上させる突然変異が頻繁に生ずる。このような突然変異は適合変異であると思われる。

本発明では、このことを利用して、本発明に係るレプリコンRNAに複製効率を向上させる突然変異の導入を促進することができる。

【0052】

具体的には、第1のレプリコン複製細胞（好ましくは本発明に係るレプリコンRNAを導入したレプリコン複製細胞）から、第1の複製レプリコンRNAを抽出等により取得し、第1の複製レプリコンRNAをさらに別の細胞に再導入して第2のレプリコン複製細胞を作製するという工程を、1回以上、好ましくは1～10回、より好ましくは1～5回、さらに好ましくは1～2回反復的に行うことにより、レプリコン複製細胞中で、レプリコンRNAに複製効率を増大させる突然変異を高頻度に導入することができる。

【0053】

複製レプリコンRNAを再導入する細胞としては、任意の細胞を用いることができるが、最初にレプリコンRNAを導入した細胞と同じ生物種由来の細胞であることが好ましく、最初にレプリコンRNAを導入した細胞と同じ生物種由来の同じ組織由来の細胞であることが

好ましく、最初にレプリコンRNAを導入した細胞と同じ細胞株の細胞であることがさらに好ましい。

【0054】

従って本発明では、上記の方法を用いて、複製効率を増大させる突然変異を導入したレプリコンRNAを製造することができる。すなわち、まず第1のレプリコン複製細胞（好ましくは本発明に係るレプリコンRNAを導入したレプリコン複製細胞）から、第1の複製レプリコンRNAを抽出等により取得し、さらにこの第1の複製レプリコンRNAをさらに別の細胞に再導入して第2のレプリコン複製細胞を作製する工程を、1回以上、好ましくは1～10回、より好ましくは1～5回、さらに好ましくは1～2回反復的に行った後、この反復工程の最後に得られる最終的なレプリコン複製細胞から、複製レプリコンRNAを抽出等によって取得することにより、複製効率が増大したレプリコンRNAを製造することができる。

【0055】

本発明では、以上のような方法により、レプリコンRNAの複製効率を少なくとも2倍、好ましくは10～100倍、より好ましくは100～10000倍に増大させることができる。

【0056】

このような方法により製造した複製効率が増大したレプリコンRNAについては、逆転写PCRによってcDNAを得てそれを塩基配列決定に供するなどの公知の方法により、塩基配列を決定することが好ましい。さらに、決定された塩基配列又はそれにコードされるアミノ酸配列を、最初に細胞に導入されたレプリコンRNAの塩基配列と比較することにより、適合変異を同定することができる。複製効率を増大させる適合変異としては、特に、レプリコンRNAにコードされたウイルスタンパク質のアミノ酸を変異させる非同義置換が好ましい。

【0057】

また本発明は、そのようにして同定した適合変異を、複製効率を増大させようとするレプリコンRNAに常法により導入することによって、複製効率が増大した遺伝子型2aのC型肝炎ウイルスのレプリコンRNAを製造することができる方法も提供する。

【0058】

以上のようにして製造された複製効率が増大したレプリコンRNAは、その方法に使用した細胞中においてレプリコンRNAを大量に製造するために使用することができる。

【0059】

本発明に係るレプリコンRNAの複製効率は、当業者に公知の方法により決定することができるが、例えば次のような方法に従って決定すればよい。たとえばHuh7細胞に0.0001、0.0003、0.001、0.003、0.01、0.03、0.1、0.3、1.0マイクログラムの量のレプリコンRNAをトランスフェクションして、前述の実験手法と同様の方法でG418による選択培養を21日間行った後にコロニー形成数（コロニー数）を測定する。導入したRNA量とコロニー形成数とを比較して容量依存的にコロニー形成が増加するレプリコンRNA導入量の範囲を決定し、その範囲内でのコロニー形成数を、導入したRNA量で除算して得られる値を、1マイクログラムあたりのコロニー形成率とする。この計算式は、以下のとおりである。
コロニー形成率 [(Colony forming Unit; CFU)/マイクログラム] = コロニー形成数 [個] / 導入したRNA量 [マイクログラム]

【0060】

こうして算出されたコロニー形成率を、導入したレプリコンRNAの複製効率を示す値とする。すなわち、コロニー形成率が高いほど、そのレプリコンRNAの複製効率は高い。またレプリコンRNAの複製効率は、形成されたコロニー1個あたりの導入したレプリコンRNAのコピー数で示されるコロニー形成能で表すこともできる。すなわち、以下のような計算式に従って算出することができる。

コロニー形成能 = 導入したレプリコンRNAのコピー数 [コピー] / コロニー形成数 [個]

【0061】

5. 本発明の他の実施形態

本発明に係るレプリコンRNA複製細胞は、例えばC型肝炎ウイルスの複製を促進又は抑

制する物質をスクリーニングするための試験系として使用することもできる。具体的には例えば、被験物質の存在下で、レプリコン複製細胞を培養し、得られる培養物中のレプリコンRNAの複製を検出し、その被験物質がレプリコンRNAの複製を促進又は抑制するかどうかを判定することにより、C型肝炎ウイルスの複製を促進又は抑制する物質をスクリーニングすることができる。この場合、得られる培養物中のレプリコンRNAの複製の検出は、レプリコンRNA複製細胞から抽出したRNA中のレプリコンRNAの量又は有無を検出することによるものであってもよいし、培養物中または該培養物に含まれるレプリコンRNA複製細胞中のタンパク質に含まれるHCVタンパク質の量又は有無を検出するものであってもよい。

【0062】

このような本発明に係るレプリコンRNA複製細胞を用いる試験細胞系は、C型肝炎ウイルス感染の治療のための治療剤若しくは診断剤の製造又は評価を目的とすることが考えられる。そのような目的としては、具体的には、以下のような例が挙げられる。

【0063】

(1) 遺伝子型2aのHCVの増殖を抑制する物質の探索

遺伝子型2aのHCVの増殖を抑制する物質としては、例えば、直接的若しくは間接的に遺伝子型2aのHCVの増殖に影響を及ぼす有機化合物、あるいは遺伝子型2aのHCVゲノム若しくはその相補鎖の標的配列にハイブリダイズすることによりHCVの増殖若しくはHCVタンパク質の翻訳に直接的又は間接的に影響を及ぼすアンチセンスオリゴヌクレオチド等が挙げられる。

(2) 細胞培養中で抗ウイルス作用を有する各種物質の評価

前記各種物質としては、合理的ドラッグデザイン又はハイスループットスクリーニングを用いて得られた物質（例えば単離精製された酵素）等が挙げられる。

(3) 遺伝子型2aのHCVに感染した患者の治療のための、新規攻撃標的の同定

例えばHCVウイルス増殖のために重要な役割を果たす宿主細胞性タンパク質を同定するために、本発明に係るレプリコン複製細胞を使用することができる。

(4) HCVウイルスの薬剤等に対する耐性獲得能の評価及び該耐性に関わる変異の同定

(5) C型肝炎ウイルス感染の診断薬又は治療薬の開発、製造及び評価のために使用可能な抗原としてのウイルスタンパク質の製造

(6) C型肝炎ウイルス感染の診断薬又は治療薬の開発、製造及び評価のために使用しうるHCVウイルス又はウイルス様粒子を製造するための、ウイルスゲノム複製系

(7) 遺伝子型2aのHCVに対するワクチンとして使用可能なワクチン抗原の製造

(8) 遺伝子治療用の外来遺伝子を組み込んで使用する、肝細胞指向性遺伝子ベクターの製造

【実施例】

【0064】

本発明を、以下の実施例及び図面に基づいてさらに具体的に説明する。但し、本発明の技術的範囲はこれら実施例に限定されるものではない。

【0065】

[実施例1] レプリコンRNAの作製

(A) 発現ベクターの構築

劇症肝炎の患者から分離したC型肝炎ウイルスJFH-1株（遺伝子型2a）のウイルスゲノム全領域に対応するDNAを、該ウイルス株のゲノム全長cDNAを含むJFH-1クローンから取得して、pUC19プラスミドに挿入したT7 RNAプロモーター配列の下流に挿入した。このようにして構築されたプラスミドDNAを、以下、pJFH1と称する。同様に、慢性肝炎の患者から分離したC型肝炎ウイルスJCH-1株（遺伝子型2a）のウイルスゲノム全領域に対応するDNAを、該ウイルス株のゲノム全長cDNAを含むJCH-1クローンから取得して、pUC19プラスミドに挿入したT7 RNAプロモーター配列の下流に挿入した。このようにして構築されたプラスミドDNAを、以下、pJCH1と称する。なお、上記JFH-1クローン及びJCH-1クロンの作製については、特許文献1及び非特許文献3に記載されている。またJFH-1クロンの全長cDN

Aの塩基配列は、国際DNAデータバンク (DDBJ/EMBL/GenBank) のアクセッション番号: AB047639に、JCH-1クローンの全長cDNAの塩基配列はアクセッション番号: AB047640に登録されている。

【0066】

このようにして構築したプラスミドDNA pJFH1及びpJCH1の構造を、図1の上段に示す。「T7」はT7 RNAプロモーター、「G」は、挿入したJFH-1又はJCH-1由来DNAの5'端の上流かつT7 RNAプロモーター配列の3'端の下流に挿入したdGTP、を示す。「5'NTR」から「3'NTR」までがC型肝炎ウイルスのゲノム全領域に対応するDNAである。

【0067】

次に、プラスミドDNA pJFH1及びpJCH1の構造領域と非構造領域の一部を、ネオマイシン耐性遺伝子 (neo; ネオマイシンホスホトランスフェラーゼ遺伝子とも称する) 及びEMCV-IRES (脳心筋炎ウイルスの内部リボゾーム結合部位) で置換して、プラスミドDNA pSGREP-JFH1及びpSGREP-JCH1をそれぞれ構築した (図1の下段)。この構築手順は、既報 (非特許文献7) に従った。具体的には、プラスミドpJFH1及びpJCH1を制限酵素AgeI及びClaIで切断し、その切断部位に、pJFH-1由来の5'NTRからCore領域におよぶ配列とpRSV5NEO由来のネオマイシン耐性遺伝子とをPCR増幅により結合し制限酵素AgeIとPmeIで切断した断片、及びEMCV IRESからNS3領域におよぶ配列をPCR増幅により結合し制限酵素PmeIとClaIで切断した断片を、挿入し連結した。

【0068】

また、pSGREP-JFH1中のNS5B領域について、該領域にコードされるRNAポリメラーゼの活性中心に相当するアミノ酸モチーフGDDをGNDに変異させる突然変異を導入して、突然変異プラスミドクローンpSGREP-JFH1/GNDを作製した。

【0069】

さらに、pSGREP-JFH1中のNS5B領域について、該領域にコードされるRNAポリメラーゼの活性中心に相当するアミノ酸モチーフGDDを含む連続した10アミノ酸配列を欠失させる突然変異を導入して、突然変異プラスミドクローンpSGREP-JFH1/dGDDを作製した。

【0070】

なお上記で作製した突然変異クローンpSGREP-JFH1/GND及びpSGREP-JFH1/dGDDは、それらにコードされているNS5Bタンパク質の活性部位のアミノ酸配列が変異しているため、レプリコンRNAを複製するのに必要な活性NS5Bタンパク質を発現することができない。

【0071】

(B) レプリコンRNAの作製

レプリコンRNA合成に用いる鋳型DNAを作製するために、上記のとおり構築した発現ベクターpSGREP-JFH1、pSGREP-JCH1、pSGREP-JFH1/GND、pSGREP-JFH1/dGDDを、それぞれ制限酵素XbaIで切断した。

【0072】

次いで、これらのXbaI切断断片のそれぞれについて、10~20 μ gを50 μ lの反応液中に含有させ、Mung Bean Nuclease 20 Uを用いて30℃で30分間インキュベートすることにより、さらに処理した。Mung Bean Nucleaseは、二本鎖DNA中の一本鎖部分を選択的に分解する反応を触媒する酵素である。通常、上記XbaI切断断片をそのまま鋳型として用いてRNA合成を行うと、XbaIの認識配列の一部であるCUGAの4塩基が3'末端に余分に付加されたレプリコンRNAが合成されてしまう。そこで本実施例では、XbaI切断断片をMung Bean Nucleaseで処理することにより、XbaI切断断片からCUGAの4塩基を除去した。この後、XbaI切断断片を含むMung Bean Nuclease処理後の溶液について、通常法に従ったタンパク質除去処理により、CUGAの4塩基が除去されたXbaI切断断片を精製して、これを鋳型DNAとした。

【0073】

次に、この鋳型DNAから、T7 RNAポリメラーゼを用いてRNAをin vitro合成した。このRNA合成にはAmbion社のMEGAscriptを用いた。鋳型DNAを0.5~1.0マイクログラム含む反応液20 μ lを製造業者の使用説明書に従って反応させた。

【0074】

RNA合成終了後、反応溶液にDNase (2 U) を添加して37℃で15分間反応させた後、さらに酸性フェノールによるRNA抽出を行って、鋳型DNAを除去した。このようにしてpSGREP-JFH1、pSGREP-JCH1、pSGREP-JFH1/GND、pSGREP-JFH1/dGDDに由来する上述の鋳型DNAから合成したRNA (レプリコンRNA) を、それぞれrSGREP-JFH1、rSGREP-JCH1、rSGREP-JFH1/GND、rSGREP-JFH1/dGDDと命名した。これらのレプリコンRNAの塩基配列を、rSGREP-JFH1については配列番号1及び図2、rSGREP-JCH1については配列番号2及び図3、rSGREP-JFH1/GNDについては配列番号7、rSGREP-JFH1/dGDDについては配列番号8に示す。

【0075】

[実施例2] レプリコン複製細胞クローンの樹立

(C) レプリコンRNAのトランスフェクション、トランスフェクション細胞のコロニー形成能の測定、及び細胞クローンの樹立

上記の合成レプリコンRNA (rSGREP-JFH1、rSGREP-JCH1、rSGREP-JFH1/GND、rSGREP-JFH1/dGDD) のそれぞれについて、様々な量のレプリコンRNAをHuh7細胞から抽出したトータル細胞性RNAと混合して、RNA総量が10 µgとなるように調製した。次いでその混合RNAをエレクトロポレーション法によりHuh7細胞に導入した。エレクトロポレーション処理を行ったHuh7細胞を培養ディッシュに播種し、16時間から24時間培養した後に、培養ディッシュにG418 (ネオマイシン) を様々な濃度で添加した。その後、週に2回培養液を交換しながら培養を継続した。播種時から21日間培養した後、クリスタルバイオレットで生存細胞を染色した。染色されたコロニー数を計測し、トランスフェクションしたレプリコンRNA量1 µgあたりに得られたコロニー数を計算した。

【0076】

コロニー形成が認められたrSGREP-JFH1又はrSGREP-JCH1トランスフェクション細胞については、上記の培養21日後の培養ディッシュからさらに生存細胞のコロニーをクローン化し、培養を継続した。このようなコロニーのクローニングにより、細胞クローンを複数株樹立することができた。

【0077】

樹立した細胞クローンについては、後述の実施例4と同様にして、複製レプリコンRNAの検出、ネオマイシン耐性遺伝子の宿主ゲノムDNAへの組み込みの有無の確認、及びHCVタンパク質の発現の確認を行った。細胞中でのレプリコンの複製が確認された細胞クローンを、レプリコン複製細胞クローンとした。

【0078】

(D) 各トランスフェクション細胞におけるコロニー形成能

上記のトランスフェクションの結果、トランスフェクションしたレプリコンRNA 1 µgあたりのコロニー形成能は、rSGREP-JFH1をトランスフェクションしたHuh7細胞では、G418濃度が1.0 mg/mlの場合、94700 CFU (Colony Forming Unit; コロニー形成単位)/µg・RNAであった (図4の左列)。これに対して、rSGREP-JFH1/dGDD、rSGREP-JFH1/GNDをそれぞれトランスフェクションしたHuh7細胞では、コロニー形成が認められなかった (図4の中央列及び右列)。このことは、rSGREP-JFH1レプリコンRNAをトランスフェクションしたHuh7細胞のコロニー形成能は、rSGREP-JFH1から発現されるNS5B (RNAポリメラーゼ) の活性に依存していることを示す。つまり、コロニーを形成した細胞では、rSGREP-JFH1から発現されるNS5BのはたらきによりrSGREP-JFH1レプリコンRNAが自律複製することによって、ネオマイシン耐性遺伝子が持続的に発現されG418耐性が維持される結果、細胞増殖が可能になったものと考えられた。

【0079】

一方、rSGREP-JCH1をトランスフェクションしたHuh7細胞では、G418濃度が1~0.5mg/mlの場合にはコロニー形成が認められなかった (図5)。G418濃度を0.25mg/mlに下げた場合には、rSGREP-JCH1をトランスフェクションしたHuh7細胞でもコロニー形成が認められた。

【0080】

さらに、上記(B)で得られた発現ベクターpSGREP-JFH1のXbaI切断断片をMung Bean Nucleaseで処理せずにRNA合成の鋳型DNAとして用いてレプリコンRNAを合成し、それを上記(C)と同様にしてHuh7細胞にトランスフェクションした。Mung Bean Nuclease処理を行わずに作製したこのレプリコンRNAには、CUGAの4塩基が3'末端に余分に付加されていた。

【0081】

この結果、Mung Bean Nucleaseで処理せずに作製したレプリコンRNAをトランスフェクションしたHuh7細胞のコロニー形成能は、512 CFU/ μ g・RNAに低下した(図6の左側)。このことから、レプリコンRNAの3'末端の配列がトランスフェクションした細胞のコロニー形成能に影響を及ぼすことが明らかになった。

【0082】

[実施例3]

(E) レプリコン複製細胞由来の複製レプリコンRNAの再トランスフェクション

実施例2に従ってrSGREP-JFH1のHuh7細胞へのトランスフェクションにより樹立したレプリコン複製細胞クローンから、常法により全RNA(トータルRNA)を抽出した。この細胞性RNAに含まれる複製レプリコンRNAのコピー数を、ノーザンブロット解析及び定量的RT-PCR法により決定した。

【0083】

ノーザンブロット解析は、Molecular Cloning, A laboratory Manual, 2nd edition, J. Sambrook, E.F. Fritsch, T. Maniatis著、Cold Spring Harbor Laboratory Press (1989)の記載に従って行った。細胞から抽出したRNAを変性アガロース電気泳動に供し、泳動終了後に該RNAをポジティブチャージナイロン膜に転写した。pSGREP-JFH1から作製した32PラベルしたDNAまたはRNAプローブを、前記のとおり膜に転写したRNAに対しハイブリダイゼーションさせ、次いでその膜を洗浄し、それをフィルムに感光させることにより、レプリコン特異的なRNAバンドを検出した。

【0084】

レプリコンRNAの定量的RT-PCRによる検出は、Takeuchi T, Katsume A, Tanaka T, Abe A, Inoue K, Tsukiyama-Kohara K, Kawaguchi R, Tanaka S, Kohara M. Real-Time detection system for quantification of Hepatitis C virus genome. Gastroenterology 116: 636-642 (1999)に従いHCV RNAの5'非翻訳領域のRNAを検出することによりおこなった。具体的には、細胞から抽出したRNAに含まれるレプリコンRNAを、合成プライマー、R6-130-S17, 5' -CGGGAGAGCCATAGTGG-3' (配列番号13)、R6-290-R19, 5' -AGTACCACAAG GCCTTTCG-3' (配列番号14)、TaqMan Probe, R6-148-S21FT, 5' -CTGCGGAACCGGTGAGTACAC-3' (配列番号15)とEZ rTth RNA PCR kitを用いてPCR増幅し、次いでABI Prism 7700 sequence detector systemにより検出した。

【0085】

次に、上記レプリコン複製細胞クローンのうちのクローン6、及びプールクローン(コロニー形成したレプリコン複製細胞を1ディッシュ分集めて培養した細胞)から抽出したトータル細胞性RNAの一部を、再トランスフェクションにより新たなHuh7細胞へ導入した。トランスフェクションに用いたトータル細胞性RNAは、上記で測定したレプリコンRNAのコピー数に基づき、 1×10^7 コピーのレプリコンRNAを含むように調製した。トランスフェクションを上記(C)と同様の手法で行い、次いでG418濃度が1mg/mlの条件下で選択培養したところ、レプリコン複製細胞のコロニー形成がみとめられた(図7)。この場合のコロニー形成能は、得られたコロニー数から計算すると、トランスフェクションに用いたレプリコンRNAの 1×10^6 コピー当たり1コロニー以上であった。

【0086】

一方、pSGREP-JFH1を鋳型としてT7 RNAポリメラーゼにより試験管内で合成したin vitro合成RNAのコピー数は、RNAの重量とRNAの長さから計算すると約 2×10^{11} コピー/ μ g・RNAであり、このin vitro合成RNAを上記と同様にしてトランスフェクションに用いた場合のコロニー形成能は、 5×10^7 コピー当たり1コロニーであった。このような結果から、レプリコン複製細胞から抽出した細胞由来RNAとin vitro合成RNAを同じコピー数のレプ

リコンRNAとしてHuh7細胞にトランスフェクションした場合、Huh7細胞内で複製されたレプリコンRNAを用いると、コロニー形成能がin vitro合成RNAと比べて50倍程度高いことが明らかになった。

【0087】

[実施例4]

(F) レプリコンRNAの検出

上記(E)に従ってrSGREP-JFH1のHuh7細胞へのトランスフェクションにより樹立したレプリコン複製細胞クローンから取得したトータルRNAを新たなHuh7細胞に再トランスフェクションして樹立した細胞クローン[クローン1~11]及びそれらのプールクローン(コロニー形成した細胞クローンを1ディッシュ分集めて培養した細胞)から、酸性フェノール抽出法によりトータルRNAを抽出した。次いでこのトータルRNAをノーザンブロット法により解析した。プローブとしてはpSGREP-JFH1特異的プローブを用いた。対照としては、トランスフェクションを行っていないHuh7細胞から同様に抽出したトータルRNA(図8中、「Huh7」として示す)、Huh7細胞から抽出したトータルRNAに試験管内で合成したレプリコンRNAを10の7乗コピー加えたサンプル(図8中、「 10^7 」として示す)、及びHuh7細胞から抽出したトータルRNAに試験管内で合成したレプリコンRNAを10の8乗コピー加えたサンプル(図8中、「 10^8 」として示す)を用いた。図8中、1~11は細胞クローンの番号である。

【0088】

この結果、rSGREP-JFH1と同程度の大きさのRNAがpSGREP-JFH1特異的プローブにより検出された(図8)。これにより、最初にトランスフェクションしたrSGREP-JFH1に由来するレプリコンRNAが細胞クローン内で複製増殖していることが確認された。また細胞クローン間で、複製レプリコンRNAの量に差があることが示された。図8中、例えば、クローン2、6、9、10は複製レプリコンRNAの量が多く、クローン4、8、11は複製レプリコンRNAの量が少なかった。

【0089】

(G) ネオマイシン耐性遺伝子のゲノムDNAへの組み込みの有無の確認

実施例3の手順と同様にして作製した、レプリコンRNAを再トランスフェクションして得られた細胞クローンについて、その細胞クローンのG418に対する耐性がネオマイシン耐性遺伝子のゲノムへの組み込みによるものでないことを確認するために、ネオマイシン耐性遺伝子特異的プライマー(センスプライマー、NEO-S3: 5'-AACAAGATGGATTGCACGCA-3'(配列番号16)、アンチセンスプライマー、NEO-R: 5'-CGTCAAGAAGCGCATAGAAG-3'(配列番号17))を用いて、細胞クローンから抽出した宿主細胞のゲノムDNAを鋳型とするPCR増幅を行った。用いた細胞クローンは、rSGREP-JFH1由来の複製レプリコンRNAを再トランスフェクションして得られた細胞クローン1~8(rSGREP-JFH1由来細胞クローン1~8)、及びrSGREP-JCH1由来の複製レプリコンRNAを再トランスフェクションして得られた細胞クローン1~6(rSGREP-JCH1由来細胞クローン1~6)であった。この結果、図9に示すとおり、rSGREP-JFH1由来細胞クローンについては、調べた8クローン中、ネオマイシン耐性遺伝子の増幅が示された陽性クローンは認められなかった。rSGREP-JCH1由来細胞クローンについては、調べた6クローン中1クローンのみが陽性であった(図9中、右側写真のレーン3)。この陽性クローンは、rSGREP-JCH1由来の複製レプリコンRNA中のネオマイシン耐性遺伝子が宿主細胞のゲノムDNA中に組み込まれたことにより、G418耐性を獲得したと考えられた。この陽性クローンにおいては、他のクローンとは異なり、レプリコンRNA自体は細胞内で自律複製していないものと考えられた。このことは、次の(H)に示す実験で、この陽性クローンからHCVタンパク質が検出されなかったことにより確認された。

【0090】

(H) HCVタンパク質の検出

rSGREP-JFH1及びrSGREP-JCH1トランスフェクション細胞クローンから常法によりタンパク質を抽出して、SDS-PAGE及びウエスタンブロット法により解析した(図10)。調べた

細胞クローンは、上記(G)で用いたものと同じであり、rSGREP-JFH1由来細胞クローン1～8、及びrSGREP-JCH1由来細胞クローン1～6である。また、NS3遺伝子を含む発現プラスミドDNAをHuh7細胞にトランジェントにトランスフェクションして得られた細胞抽出液を陽性対照(NS3タンパク質)とした。さらに、トランスフェクションしていないHuh7細胞から抽出したタンパク質を陰性対照として用いた。それぞれの細胞クローンから抽出したタンパク質試料をPVDF膜(Immobilon-P, Millipore社製)にブロッティングし、抗NS3特異的抗体(Dr. Moradpour より分与されたもの; Wolk B, et al, J. Virology. 2000; 74: 2293-2304)を用いて複製レプリコンRNAにコードされているNS3タンパク質を検出した。図10に示されるとおり、rSGREP-JFH1由来細胞クローン1～8及びrSGREP-JCH1由来細胞クローン1、2、4～6では、陽性対照と同じ大きさのタンパク質が検出された。なおrSGREP-JCH1由来細胞クローン3(上記(G)で陽性クローンとして検出されたクローン)では、NS3タンパク質の発現は検出されなかった。すなわち、rSGREP-JCH1由来細胞クローン3では、レプリコンRNAの複製は確認されなかった。トランスフェクションしていないHuh7細胞でNS3タンパク質が検出されなかったため、NS3タンパク質が検出された細胞クローンでは、トランスフェクションされたレプリコンRNAが自律複製することによりNS3タンパク質が発現されていることが判明した。

【0091】

なお、C型肝炎患者の血清を抗体として用いることにより、上記でNS3タンパク質の発現が確認された各細胞クローンについて、レプリコンRNAからのNS5aタンパク質の発現も確認した。

【0092】

以上の(G)及び(H)の結果から、レプリコンRNAをトランスフェクションして樹立した細胞クローンでは、レプリコンRNAが複製されていることが確認された。

【0093】

[実施例5]

(I) 適合変異の解析

実施例3に従って、rSGREP-JFH1のHuh7細胞へのトランスフェクションを経て樹立したレプリコン複製細胞クローンから取得したトータルRNAを新たなHuh7細胞に再トランスフェクションして、21の細胞クローンを樹立した。これらの細胞クローンから、常法によりトータルRNAをそれぞれ抽出した。このトータルRNAを鋳型にして逆転写酵素Superscript II(Invitrogen社製)とプライマー9641R-IH(5'-GCACTCTCTGCAGTCATGCGGCTCACGGAC-3'(配列番号18))によりレプリコンRNAに対応するcDNAを合成した。逆転写反応によるcDNA合成のための反応液組成を以下に示す。

【0094】

反応液組成	液量(μ l)
5x 1st strand Buffer	4
2mM dNTP	5
0.1M DTT	1
9651R-IH プライマー (100 μ M)	1
DW(蒸留水)	6.5
Sample RNA (2 mg/mL)	1
RNasin (Promega社製)(40U/ μ L)	0.5
Superscript II RT (Invitrogen社製)	1
合計量	20 μ l

【0095】

cDNA合成反応としては、まず上記のRNasinとSuperscript II以外の試薬を混合して最初の反応液を調製し、それを90℃で3分間加熱した後、氷上で冷却した。その後、この反応液に RNasinとSuperscript IIを添加して42℃で1時間反応させた後、さらに70℃で15分

間反応させた。

【0096】

さらに、このようにして得られたcDNAについて、以下の手順により5組のプライマーセットを用いるPCR増幅を行って、レプリコンRNAのほぼ全領域にわたるDNA増幅断片を得た。用いたプライマーセット及びその各々により増幅される領域を下記の表1及び表2に示す。

【0097】

【表1】

増幅断片の名称	プライマーセット		増幅領域
	プライマー 1	プライマー 2	
A/	42S-IH	433R-neo	41 - 470
B/	C/S17ssp	4680R-IH	28 - 3026
C/	4534S-IH	7279R-IH	2880 - 5625
D/	7198S-IH	9367R-IH	5544 - 7713
E/	9247S-NF	9576R-NF	7597 - 7960

なお表1中、増幅領域はrSGREP-JFH1(配列番号1)において対応する塩基番号で示した。

【表2】

プライマーの名称	塩基配列 (5' → 3')	配列番号
42S-IH	CCCCTGTGAGGAAGTACTGTCTTCACGC	配列番号 19
C/S17ssp	CCGGGAGAGCCATAGTGGTCTGCG	配列番号 20
4534S-IH	CCACTCAAAGAAAAAGTGTGACGAGCTCGC	配列番号 21
7198S-IH	GGCTTGGGCACGGCCTGA	配列番号 22
9247S-NF	GCGGTGAAGACCAAGCTCAAAGTCACTCCA	配列番号 23
433R-neo	AGAAGCTGCGTGCAATCCATC	配列番号 24
4680R-IH	CCCGTCATGAGGGCGTCGGTGGC	配列番号 25
7279R-IH	ACCAGCAACGGTGGGCGGTGGTAATC	配列番号 26
9367R-RI	GGCACGCGACACGCTGTG	配列番号 27
9576R-NF	AGCTAGCCGTGACTAGGGCTAAGATGGAGC	配列番号 28

【0098】

このPCR反応における反応液組成は以下のとおりである。

反応液組成	液量 (μl)
プライマー 1 (10 μM)	1.0
プライマー 2 (10 μM)	1.0
2.5mM dNTPs	5.0
10x LA Buffer	5.0
MgCl ₂ (25mM)	5.0
LA Taq (TAKARA) (5U/μl)	0.3
DW (蒸留水)	30.7
鋳型 cDNA	2.0
合計量	50 μl

【0099】

また、PCR反応の条件は、以下のとおりであった：95℃で2分間；98℃で10秒間に続き68℃で8分間を35サイクル；72℃で7分間；4℃で保持。

【0100】

以上のようにして得られた各PCR産物の塩基配列を決定し、そのDNA配列対応するRNA配列とrSGREP-JFH1の配列との比較を行った。その結果を表3に示す。

【0101】

【表3】

領域	同義的 置換	非同義 置換	全変異
NS3	0	5	5
NS4A	0	2	2
NS4B	0	3	3
NS5A	0	7	7
NS5B	3	5	8
合計	3	22	25

【0102】

表3のとおり、21の細胞クローンにおいて認められた塩基変異は全部で25個あったが、そのうち22個はアミノ酸の変異を引き起こす非同義置換であった。これらの変異の種類を、表4に示す。またこれらの変異の非構造領域における位置を図11に示す。

【0103】

【表4】

クローン名	変異部位			
	塩基番号	塩基変異	アミノ酸変異	アミノ酸番号
C1	7098	A ⇒ G	なし	
	7157	A ⇒ G	Y ⇒ C	2824
C2	4955	C ⇒ U	A ⇒ V	2090
C3	4936	A ⇒ G	T ⇒ A	2084
	5000	A ⇒ G	Y ⇒ C	2105
	7287	A ⇒ G	なし	
	7288	A ⇒ G	M ⇒ V	2868
C4	5901	G ⇒ U	E ⇒ D	2405
	6113	A ⇒ U	H ⇒ L	2476
C5	2890	A ⇒ G	K ⇒ E	1402
C6	7209	A ⇒ G	なし	

【0104】

表4及び図11において、「C1～C6」は、変異が見出されたレプリコンRNAを有するレプリコン複製細胞クローンC1～C6を示す。「塩基番号」はレプリコンRNA rSGREP-JFH1の塩基配列（配列番号1）中の対応する塩基の番号として示している。「アミノ酸番号」は、JFH-1クローンにコードされるアミノ酸配列（配列番号4）中の対応するアミノ酸の番号として示している。変異部位の塩基及びアミノ酸の種類は、通常の表記法に従って記載されている。表4に示されるとおり、クローンC2では、レプリコンRNA上の配列番号1の塩基番号4955に相当する塩基がC（シトシン）からU（ウラシル）へ変異し、その結果、配列番号4のアミノ酸番号2090に相当するアミノ酸がA（アラニン）からV（バリン）へ変異した。

【0105】

また図11に示した変異の位置は、表4に示す塩基番号を付記した縦線で示している。太い縦線は非同義置換、細い縦線は同義置換を表す。

【0106】

なお、アミノ酸の変異を引き起こす塩基変異を全く有しないクローンも2クローンあった。この2クローンについてノーザンブロット解析を行ったところ、これらの2クローンにおいては、レプリコンRNAの複製量が、アミノ酸変異を生じる塩基変異を有するレプリコンRNAを複製している細胞クローンよりも少ないことが示された。つまり、レプリコンRNAにおけるアミノ酸変異を引き起こす塩基変異は、Huh7細胞においてレプリコンRNAの複製効率を増大させる適合変異であると考えられた。

【0107】

[実施例6]

(J) Huh7細胞以外の細胞を用いたレプリコン複製細胞クローンの樹立

実施例1に記載した方法に従って、Huh7細胞以外の肝臓細胞及び非肝臓由来細胞に、rSGREP-JFH1をトランスフェクションし、培養ディッシュ中に播種して培養して、コロニー形

成の観察とコロニー数の計測を行った。使用した細胞は、以下のとおりである。

【0108】

- (1) HepG2細胞 (Huh7細胞と共に代表的な肝癌細胞である)
- (2) IMY-N9細胞 (Itoらにより樹立された。HepG2細胞とヒト初代培養肝細胞との融合細胞; Hepatology 2001; 34: 566-572)
- (3) Hela細胞 (ヒト子宮頸癌由来細胞; Can Cer Res. 1952; 12: 264-265)
- (4) 293細胞 (ヒト胎児腎由来細胞; Gen. Virol. 1977; 36: 59-72)

【0109】

HepG2細胞、IMY-N9細胞、Hela細胞、又は293細胞を用いたトランスフェクションの結果を、それぞれ図12a~dに示す。図12a~dに示すとおり、HepG2細胞、IMY-N9細胞、Hela細胞、及び293細胞はともに、rSGREP-JFH1トランスフェクション細胞におけるコロニー形成を示した。

【0110】

樹立した細胞クローンは、後述の(L)、(M)と同様にして、複製レプリコンRNAの検出、ネオマイシン耐性遺伝子の宿主ゲノムDNAへの組み込みの有無の確認、及びHCVタンパク質の発現の確認を行った。こうして細胞中でのレプリコンの複製が確認された細胞クローンを、レプリコン複製細胞クローンとした。すなわち、rSGREP-JFH1を用いることにより、今まで、HCVレプリコン複製細胞の作出に成功していなかった (Blight et al., Science, (2000) 290, 1972-1974)、Huh7以外の肝癌細胞、及び非肝細胞でのHCVレプリコン複製細胞の作製が可能であることが示された。

【0111】

(K) Huh7細胞以外の細胞を用いたレプリコン複製細胞におけるレプリコンRNAの検出

ノーザンブロット解析は、(Molecular Cloning, A laboratory Manual, 2nd edition, J. Sambrook, E.F. Fritsch, T. Maniatis著, Cold Spring Harbor Laboratory Press (1989)) の記載に従って行った。前項(J)に従い、rSGREP-JFH1をHepG2、IMYあるいはHeLa細胞へのトランスフェクションにより樹立したレプリコン複製細胞クローン、及びrSGREP-JFH1を293細胞へのトランスフェクションにより樹立したレプリコン複製細胞のプールクローン (コロニー形成した細胞クローンを1ディッシュ分集めて培養した細胞) から、酸性フェノール抽出法によりトータルRNAを抽出した。次いでこのトータルRNAをノーザンブロット法により解析した。プローブとしてはpSGREP-JFH1特異的プローブを用いた。対照としては、トランスフェクションを行っていないHuh7細胞及び、HepG2細胞から同様に抽出したトータルRNA (図13中、lane 1 及び17)、Huh7細胞から抽出したトータルRNAに試験管内で合成したレプリコンRNAを10の7乗コピーあるいは、10の8乗コピー加えたもの (図13中、lane 2 及び、3) を用いた。この結果、rSGREP-JFH1と同程度の大きさのRNAがpSGREP-JFH1特異的プローブにより検出された (図13)。これにより、最初にトランスフェクションしたrSGREP-JFH1に由来するレプリコンRNAが細胞クローン内で複製増殖していることが確認された。また細胞の種類により、複製レプリコンRNAの量に差があり、IMY細胞は極めて効率よくレプリコンRNAを複製することが明らかになった。また、クローン間で複製レプリコンRNAの量に差があることが明らかになった。

【0112】

(L) ネオマイシン耐性遺伝子のゲノムDNAへの組み込みの有無の確認

樹立したレプリコンRNA複製細胞クローンについて、その細胞クローンのG418に対する耐性がネオマイシン耐性遺伝子のゲノムへの組み込みによるものでないことを確認するために、ネオマイシン耐性遺伝子特異的プライマー (センスプライマー、NEO-S3: 5'-AACAA GATGGATTGCACGCA-3' (配列番号29)、アンチセンスプライマー、NEO-R: 5'-CGTCAAGAAGGC GATAGAAG-3' (配列番号30)) を用いて、細胞クローンから抽出した宿主細胞のゲノムDNAを鋳型とするPCR増幅を行った。用いた細胞クローンは、HepG2細胞にrSGREP-JFH1由来の複製レプリコンRNAを再トランスフェクションして得られた細胞クローン1、5、7、8、9、10、11、12、及び13、ならびにIMY N9細胞にrSGREP-JFH1由来の複製レプリコンRNAを再トランスフェクションして得られた細胞クローン3、4、5、6、7

、8、9、10、及び11であった。この結果、図14に示すとおり、HepG2細胞にrSGRE P-JFH1導入した細胞クローンについては、調べた9クローン中、ネオマイシン耐性遺伝子の増幅が示された陽性クローンは認められなかった。IMY N9細胞にrSGREP-JFH1導入した細胞クローンについては、調べた9クローン中、ネオマイシン耐性遺伝子の増幅が示された陽性クローンは認められなかった。

【0113】

同様に、Hela細胞にrSGREP-JFH1由来の複製レプリコンRNAを再トランスフェクションして得られた細胞クローン及び293細胞にrSGREP-JFH1由来の複製レプリコンRNAを再トランスフェクションして得られた細胞クローンについて、同様の検討を行ったところ、ネオマイシン耐性遺伝子の増幅が示された陽性クローンは認められなかった。

【0114】

(M) HCVタンパク質の検出

樹立した細胞クローンから常法によりタンパク質を抽出して、SDS-PAGE及びウエスタンブロット法により解析した(図15)。調べた細胞クローンは、前項で用いたものと同じであり、HepG2細胞にrSGREP-JFH1由来の複製レプリコンRNAを再トランスフェクションして得られた細胞クローン1、5、7、8、9、10、11、12、及び13、ならびにIMY N9細胞にrSGREP-JFH1由来の複製レプリコンRNAを再トランスフェクションして得られた細胞クローン3、4、5、6、7、8、9、10、及び11である。また、既報(Lehmann et.al., Science, (1999))に従って、HuH7にrSGREP-JFH1を導入して作製したHCV RNAレプリコン複製細胞クローンを陽性対照(図15 lane 4-1, C6)とした。さらに、トランスフェクションしていない細胞から抽出したタンパク質を陰性対照として用いた(図15 lane N)。それぞれの細胞クローンから抽出したタンパク質試料をPVDF膜(Immobilon-P, Millipore社製)にブロッティングし、抗NS3特異的抗体(Dr. Moradpour より分与されたもの; Wolk B, et al, J. Virology. 2000; 74: 2293-2304)を用いて複製レプリコンRNAにコードされているNS3タンパク質を検出した。図15上段に示されるとおり、rSGREP-JFH1由来の複製レプリコンRNAを再トランスフェクションして得られた細胞クローン1、5、7、8、9、10、11、12、及び13、ならびにIMY N9細胞にrSGREP-JFH1由来の複製レプリコンRNAを再トランスフェクションして得られた細胞クローン3、4、5、6、7、8、9、10、及び11では、陽性対照と同じ大きさのタンパク質が検出された。

【0115】

また、C型肝炎患者の血清を抗体として用いることにより、上記でNS3タンパク質の発現が確認された各細胞クローンについて、レプリコンRNAからのNS5aタンパク質の発現の確認をおこなった。NS3タンパク質の発現と同様に抗体を患者血清を変えて検討を行った。その結果、図15下段に示すように、rSGREP-JFH1由来の複製レプリコンRNAを再トランスフェクションして得られた細胞クローン1、5、7、8、9、10、11、12、及び13、ならびにIMY N9細胞にrSGREP-JFH1由来の複製レプリコンRNAを再トランスフェクションして得られた細胞クローン3、4、5、6、7、8、9、10、及び11では、陽性対照と同じ大きさのタンパク質が検出された。

【0116】

同様に、Hela細胞にrSGREP-JFH1由来の複製レプリコンRNAを再トランスフェクションして得られた細胞クローン及び293細胞にrSGREP-JFH1由来の複製レプリコンRNAを再トランスフェクションして得られた細胞クローンについて、同様の検討を行ったところ、NS3及びNS5aタンパク質の発現が確認できた。

【0117】

以上のとおり、レプリコンRNAをトランスフェクションして樹立した細胞クローンでは、レプリコンRNAが複製されていることが確認された。

【0118】

[実施例7]

(N) 適合変異の解析

実施例3に従って、rSGREP-JFH1のHepG2及びHeLa細胞へのトランスフェクションを経て樹立したレプリコン複製細胞クローンから取得したトータルRNAを新たな各々の細胞に再トランスフェクションして、HepG2細胞については14の細胞クローンを、HeLa細胞については8の細胞クローンを樹立した。これらの細胞クローンから、常法によりトータルRNAをそれぞれ抽出した。このトータルRNAを鋳型にして逆転写酵素Superscript II(Invitrogen社製)とプライマー9641R-IH (5'-GCACTCTCTGCAGTCATGCGGCTCACGGAC-3' (配列番号31))によりレプリコンRNAに対応するcDNAを合成した。逆転写反応によるcDNA合成のための反応液組成を以下に示す。

【0119】

反応液組成	液量(μ l)
5x 1st strand Buffer	4
2mM dNTP	5
0.1M DTT	1
9651R-IH プライマー (100 μ M)	1
DW (蒸留水)	6.5
Sample RNA (2 mg/mL)	1
RNAsin (Promega社製) (40U/ μ L)	0.5
Superscript II RT (Invitrogen社製)	1
合計量	20 μ l

【0120】

cDNA合成反応としては、まず上記のRNAsinとSuperscript II以外の試薬を混合して最初の反応液を調製し、それを90℃で3分間加熱した後、氷上で冷却した。その後、この反応液に RNAsinとSuperscript IIを添加して42℃で1時間反応させた後、さらに70℃で15分間反応させた。

【0121】

さらに、このようにして得られたcDNAについて、以下の手順により5組のプライマーセットを用いるPCR増幅を行って、レプリコンRNAのほぼ全領域にわたるDNA増幅断片を得た。用いたプライマーセット及びその各々により増幅される領域を下記の表5及び表6に示す。

【0122】

【表5】

増幅断片の名称	プライマーセット		増幅領域
	プライマー1	プライマー2	
A	42S-IH	433R-neo	41-470
B	C/S17ssp	4680R-IH	28-3026
C	4534S-IH	7279R-IH	2280-5625
D	7198S-IH	9367R-IH	5544-7713
E	9247S-NF	9576R-NF	7597-7966

なお表中、増幅領域は、rSGREP-JFH1(配列番号1)において対応する塩基番号で示した。

【0123】

【表 6】

プライマーの名称	塩基配列 (5' to 3')	配列番号
43S-IH	CCCCTGTGAGGAACTACTGTCTTCACGC	配列番号14
C/S17ssp	CCGGGAGAGCCATAGTGGTCTGCG	配列番号15
4534S-IH	CCACTCAAAGAAAAAGTGTGACGAGCTCGC	配列番号16
7198S-IH	GGCTTGGGCACGGCCTGA	配列番号17
9247S-NF	GCGGTGAAGACCAAGCTCAAACCTCACTCCA	配列番号18
433R-neo	AGAACCTGCGTGCAATCCATC	配列番号19
4680R-IH	CCCGTCATGAGGGCGTCGGTGGC	配列番号20
7279R-IH	ACCAGCAACGGTGGGCGGTTGGTAATC	配列番号21
9367R-IH	GGAACGCGACACGCTGTG	配列番号22
9576R-NF	AGCTAGCCGTGACTAGGGCTAAGATGGAGC	配列番号23

【0124】

このPCR反応における反応液組成は以下のとおりである。

反応液組成	液量 (μ l)
プライマー 1 (10 μ M)	1.0
プライマー 2 (10 μ M)	1.0
2.5mM dNTPs	5.0
10x LA Buffer	5.0
MgCl ₂ (25mM)	5.0
LA Taq(TAKARA) (5U/ μ l)	0.3
DW (蒸留水)	30.7
鋳型 CDNA	2.0
合計量	50 μ l

【0125】

また、PCR反応の条件は、以下のとおりであった：95℃で2分間；98℃で10秒間に続き68℃で8分間を35サイクル；72℃で7分間；4℃で保持。

【0126】

以上のようにして得られた各PCR産物の塩基配列を決定し、そのDNA配列対応するRNA配列とrSGREP-JFH1の配列との比較を行った。その結果を表7及び8に示す。

【表 7】

HepG2 細胞におけるJFH-1 レプリコンにおける適合変異の解析

クローン	変異部位		変異	
	塩基番号	アミノ酸番号	塩基	アミノ酸
HepIH1	6826	2714	C⇒A	Q⇒K
HepIH3	6887	2734	C⇒A	T⇒N
HepIH5	6887		U⇒A	なし
HepIH8	6580	2632	U⇒A	S⇒T
	7159	2825	U⇒C	Y⇒H
HepIH9	3342		A⇒G	なし
	3594		C⇒A	なし
	7230	2848	U⇒A	N⇒K
HepIH10	5052		U⇒C	なし
	6943	2753	C⇒A	P⇒T
HepIH12	なし			
HepIH13	4302		C⇒U	なし
	5687	2334	G⇒A	G⇒D
	6110	2475	A⇒G	Y⇒C

【0127】

表 7 のとおり、HepG2細胞については8の細胞クローンにおいて認められた塩基変異は全部で13個あったが、そのうち8個はアミノ酸の変異を引き起こす非同義置換であった。これらの変異の種類を、表 8 に示す。一方、HeLa細胞については3の細胞クローンにおいて認められた塩基変異は全部で7個あったが、そのうち5個はアミノ酸の変異を引き起こす非同義置換であった。これらの変異の種類を、表 8 に示す。

【0128】

【表 8】

HeLa 細胞におけるJFH-1 レプリコンにおける適合変異の解析

クローン	変異部位		変異	
	塩基番号	アミノ酸番号	塩基	アミノ酸
HeLaH1	なし			
HeLaH2	5550	2272	U⇒C	S⇒P
	6252		A⇒G	なし
	7182		U⇒C	なし
	7217	2844	A⇒G	H⇒R
HeLaH5	3643	1653	A⇒G	M⇒V
	5851	2389	G⇒A	A⇒T
	5914	2410	G⇒A	E⇒K

【0129】

表 7 及び 8 において、「HepIH No.」は、HepG2 細胞を用いてクローン化したレプリコ

ンRNAを有するレプリコン複製細胞クローン番号を示す。「塩基番号」はレプリコンRNA rSGREP-JFH1の塩基配列（配列番号1）中の対応する塩基の番号として示している。「アミノ酸番号」は、JFH-1クローンにコードされるアミノ酸配列（配列番号4）中の対応するアミノ酸の番号として示している。変異部位の塩基及びアミノ酸の種類は、通常の表記法に従って記載されている。表7に示されるとおり、例えば、クローン HepIH1では、レプリコンRNA上の配列番号の塩基番号 6826 に相当する塩基がCからAへ変異し、その結果、配列番号のアミノ酸番号2714に相当するアミノ酸がQからEへ変異したことを示している。同様に表8において、「HeLaIH No.」は、HeLa細胞を用いて、クローン化したレプリコンRNAを有するレプリコン複製細胞クローン番号を示す。

【0130】

なお、アミノ酸の変異を引き起こす塩基変異を全く有しないクローンについてノーザンブロット解析を行ったところ、レプリコンRNAの複製量は、アミノ酸変異を生じる塩基変異を有するレプリコンRNAを複製している細胞クローンよりも少ないことが示された。つまり、レプリコンRNAにおけるアミノ酸変異を引き起こす塩基変異は、細胞においてレプリコンRNAの複製効率を増大させる適合変異であると考えられた。

【産業上の利用可能性】

【0131】

本発明に係るレプリコン複製細胞は、遺伝子型2aのHCV由来のRNA及びHCVタンパク質を持続的に産生させるための培養系として利用することができる。さらに本発明に係るレプリコン複製細胞は、HCVの複製及び／又はHCVタンパク質の翻訳に影響を及ぼす各種物質をスクリーニングするための試験系として有用である。

【図面の簡単な説明】

【0132】

【図1】図1は、本発明に係るHCV-RNAレプリコンを作製するための鋳型DNAの構築手順を示す概略図である。図1の上段は、pJFH1及びpJCH1のウイルスゲノム挿入領域の構造を示す。図1の下段は、pJFH1及びpJCH1のウイルスゲノム挿入領域の一部をネオマイシン耐性遺伝子とEMCV IRESを含むDNA断片で置換することにより構築したプラスミドDNA pSGREP-JFH1及びpSGREP-JCH1のウイルスゲノム挿入領域の構造を示す。図中の記号は以下のとおりである。T7: T7 RNAプロモーター、G: 挿入したJFH-1又はJCH-1由来DNAの5'端の上流かつT7 RNAプロモーター配列の3'端の下流に挿入したdGTP、5'NTR: 5'非翻訳領域、Core: コアタンパク質、3'NTR: 3'非翻訳領域。E1、E2: エンベロープタンパク質。NS2、NS3、NS4A、NS4B、NS5A、NS5B: 非構造タンパク質。Age I、Cla I、Xba I: 制限酵素Age I、Cla I及びXba Iの切断部位。GDD: NS5Bタンパク質の活性中心に相当するアミノ酸モチーフGDDの位置。neo: ネオマイシン耐性遺伝子、EMCV IRES: EMCV IRES（脳筋炎ウイルスの内部リボソーム結合部位）。

【図2A】図2Aは、rSGREP-JFH1の塩基配列を示す。

【図2B】図2Bは、rSGREP-JFH1の塩基配列を示す。

【図2C】図2Cは、rSGREP-JFH1の塩基配列を示す。

【図2D】図2Dは、rSGREP-JFH1の塩基配列を示す。

【図2E】図2Eは、rSGREP-JFH1の塩基配列を示す。

【図2F】図2Fは、rSGREP-JFH1の塩基配列を示す。

【図3A】図3Aは、rSGREP-JCH1の塩基配列を示す。

【図3B】図3Bは、rSGREP-JCH1の塩基配列を示す。

【図3C】図3Cは、rSGREP-JCH1の塩基配列を示す。

【図3D】図3Dは、rSGREP-JCH1の塩基配列を示す。

【図3E】図3Eは、rSGREP-JCH1の塩基配列を示す。

【図3F】図3Fは、rSGREP-JCH1の塩基配列を示す。

【図4】図4は、rSGREP-JFH1、rSGREP-JFH1/GND及びrSGREP-JFH1/dGDDをそれぞれトランスフェクションしたHuh7細胞のコロニー形成を示した写真である。トランスフェ

クシオンしたRNAの量は、上段の3つはいずれも100 ng、下段の3つはいずれも300 ngである。

【図5】図5は、rSGREP-JFH1及びrSGREP-JCH1をそれぞれトランスフェクションしたHuh7細胞の、培地中のG418の濃度が0.5mg/mlである場合のコロニー形成を示した写真である。トランスフェクションしたRNAの量は、いずれも100 ngである。

【図6】図6は、トランスフェクション細胞のコロニー形成能に対する、Mung Bean Nuclease処理の影響を示した写真である。トランスフェクションしたrSGREP-JFH1 RNAの量は、いずれも100 ngである。いずれも培地中のG418の濃度は1.0mg/mlである。

【図7】図7は、rSGREP-JFH1をトランスフェクションして樹立したレプリコン複製細胞クローン由来のトータル細胞性RNAを新たなHuh7細胞に再トランスフェクションした場合に示されるコロニー形成を示す写真である。左側写真は、レプリコン複製細胞クローン6由来のトータル細胞性RNAを用いて96コロニーの形成がみとめられた結果、右側写真：プールクローン由来のトータル細胞性RNAを用いて77コロニーの形成がみとめられた結果を示す。いずれもレプリコンRNAを 1×10^7 コピー含む量を再トランスフェクションした。

【図8】図8は、rSGREP-JFH1をトランスフェクションして樹立したレプリコン複製細胞クローン由来のトータル細胞性RNAを新たなHuh7細胞に再トランスフェクションして得た細胞クローン由来のトータルRNAに対して、rSGREP-JFH1特異的のプロブを用いてノーザンブロット法による検出を行った結果を示す写真である。レーンの説明は以下のとおりである。 10^8 : Huh7細胞から抽出したトータルRNAに試験管内で合成したレプリコンRNAを10の8乗コピー加えたサンプル、 10^7 : Huh7細胞から抽出したトータルRNAに試験管内で合成したレプリコンRNAを10の7乗コピー加えたサンプル、Huh7: トランスフェクションしていないHuh7細胞から抽出したトータルRNA、プールクローン: プールクローンから抽出したトータルRNA、1~11: 細胞クローン1~11のそれぞれから抽出したトータルRNA。「レプリコンRNA」は、rSGREP-JFH1の分子量サイズを示すマーカー、「28S」は4.5kbの分子量サイズを示すリボソームRNAマーカー、「18S」は1.9kbの分子量サイズを示すリボソームRNAマーカーの泳動位置を示す。

【図9】図9は、rSGREP-JFH1又はrSGREP-JCH1由来複製レプリコンRNAが再トランスフェクションされた細胞クローンにおける、ネオマイシン耐性遺伝子の宿主細胞のゲノムDNAへの組み込みの有無を示す写真である。左側写真のレーンの説明は以下のとおりである。M: DNA分子量マーカー、1~8: rSGREP-JFH1由来細胞クローン1~8、N: トランスフェクションしていないHuh7細胞、P: 陽性対照（ネオマイシン耐性遺伝子のPCR増幅産物）。一方、右側写真のレーンの説明は以下のとおりである。M: DNA分子量マーカー、1~6: rSGREP-JCH1由来細胞クローン1~6。

【図10】図10は、rSGREP-JFH1又はrSGREP-JCH1由来複製レプリコンRNAが再トランスフェクションされた細胞クローンにおいて、発現されたNS3タンパク質の検出結果を示す写真である。左側写真のレーン1~8: rSGREP-JFH1由来細胞クローン1~8。右側写真のレーン1~6: rSGREP-JCH1由来細胞クローン1~6。右側写真のレーンのP: NS3タンパク質（陽性対照）、N: トランスフェクションしていないHuh7細胞から抽出したタンパク質（陰性対照）。

【図11】図11は、rSGREP-JFH1由来の複製レプリコンRNAのHuh7細胞への再トランスフェクションを経て樹立した21の細胞クローンから取得したレプリコンRNA中の塩基変異の位置を示す図である。変異の位置は、表4に示す塩基番号を付記した縦線で示している。太い縦線は非同義置換、細い縦線は同義置換を表す。

【図12】図12は、1) HepG2細胞、2) IMY-N9細胞、3) 293細胞、又は4) Hela細胞を用いたrSGREP-JFH1トランスフェクションの結果を示す。

【図13】図13は、レプリコン複製細胞クローンのノーザンブロッティングの結果を示す。

【図14】図14は、ネオマイシン耐性遺伝子のゲノムDNAへの組み込みを確認する

ための電気泳動の結果を示す。

【図 15】図 15 は、レプリコン複製細胞クローン由来のタンパク質をウエスタンブロット法により解析した結果を示す。

【配列表フリーテキスト】

【0133】

配列番号 1 - 人工配列の説明: レプリコン

配列番号 2 - 人工配列の説明: レプリコン

配列番号 7 - 人工配列の説明: レプリコン

配列番号 8 ~ 12 - 人工配列の説明: 合成RNA

配列番号 13 ~ 41 - 人工配列の説明: 合成DNA

【配列表】

SEQUENCE LISTING

- <110> Toray Industries Inc.
Tokyo Metropolitan Organization for Medical Research
Johannes Gutenberg-Universitaet Mainz
- <120> Establishment of the genotype 2a Hepatitis C virus subgenomic replicon
- <130> P03-0852
- <140>
<141>
- <150> JP 2003-148242
<151> 2003-05-26
- <160> 41
- <170> PatentIn Ver. 2.1
- <210> 1
<211> 8024
<212> RNA
<213> Artificial Sequence
- <220>
<223> Description of Artificial Sequence: replicon
- <220>
<223> Inventor: Wakita, Takaji
Inventor: Kato, Takanobu
Inventor: Date, Tomoko
- <400> 1
accugcccu aauagggcg acacuccgcc augaaucacu cccugugag gaacuacugu 60
cuucacgcag aaagcgccua gccauggcgu uaguaugagu gucguacagc cuccaggccc 120
ccccucccg ggagagccau aguggucugc ggaaccggug aguacaccgg aaugccggg 180
aagacugggu ccuucuuugg auaaaccac ucuaugcccg gccauuuggg cgugcccccg 240
caagacugcu agccgaguag cguuggguug cgaaaggccu ugugguacug ccugauaggg 300
cgcuugcgag ugccccggga ggucucguag accgugcacc augagcaca auccuaaacc 360
ucaaagaaaa accaaaagaa acaccaaccg ucgcccuaug auugaacaag auggauugca 420
cgcagguucu cgggccguu ggguggagag gcuaucggc uaugacuggg cacaacagac 480
aaucggcugc ucugaugccg ccguguuccg gcugucagcg caggggcgcc cggucuuuu 540
ugucaagacc gaccuguccg gugcccugaa ugaacugcag gacgaggcag cgcggcuauc 600
guggcuggcc acgacggcg uuccuugcg agcugugcuc gacguuguca cugaagcggg 660
aaggacugg cugcuauugg gcgaagugc ggggcaggau cuccugucau cucaccuugc 720
uccugccgag aaaguaacca ucauggcuga ugcaaugcgg cggcugcaua cgcuugauc 780
ggcuaccugc ccauucgacc accaagcgaa acaucgauc gagcgagcac guacucggau 840
ggaagccggu cuugucgauc aggaugaucu ggacgaagag caucaggggc ucgcgccagc 900

cgaacuguuc gccaggcuca aggcgcgcgau gcccgcacggc gaggaucucg ucgugaccca 960
 uggcgauGCC ugcuugccga auaucauggu ggaaaaauggc cgcuuuucug gauucaucga 1020
 cuguggccgg cugggugugg cggaccgcua ucaggacaua gcguuggcua cccgugauau 1080
 ugcugaagag cuuggcggcg aaugggcuga ccgcuuccuc gugcuuuacg guaucgccgc 1140
 ucccgaauCG cagcgcaucg ccuucuaucg ccuucuuagc gaguucuuu gaguuuaaac 1200
 ccucucccuc ccccccccu aacguuacug gccgaagccg cuuggaauaa ggccggugug 1260
 cguuugucua uauguuauuu uccaccauau ugccgucuuu uggcaaugug agggcccggg 1320
 aaccuggccc ugucuuuug acgagcauuc cuaggggucu uuccccucuc gccaaaggaa 1380
 ugcaaggucu guugaauguc gugaaggaag caguuccucu ggaagcuucu ugaagacaaa 1440
 caacgucugu agcgaccuu ugcaggcagc ggaaccccc accuggcgac aggugccucu 1500
 gcggccaaaa gccacgugua uaagauacac cugcaaaggc ggcacaacc cagugccacg 1560
 uuugaguug gauaguugug gaaagaguca aauggcucuc cucaagcgu uucaacaagg 1620
 ggcuagaagg ugcgcagaag guaccccauu guaugggauC ugaucugggg ccucggugca 1680
 caugcuuuac auguguuuag ucgagguuaa aaaaacgucu agggcccccg aaccacgggg 1740
 acgugguuuu ccuuugaaaa acacgaugau accauggcuc ccaucacugc uuaugcccag 1800
 caaacacgag gccuccuggg cgccauagug gugaguauga cggggcguga caggacagaa 1860
 caggccgggg aaguccaaau ccuguccaca gucucucagu ccuuccucgg aacaaccauc 1920
 ucggggguuu uguggacugu uuaccacgga gcuggcaaca agacucuagc cggcuuacgg 1980
 gguccgguca cgcagaugua cucgagugcu gagggggacu ugguaggcug gccagcccc 2040
 ccugggacca agucuuugga gccgugcaag uguggagccg ucgaccuaua ucuggucacg 2100
 cggaacgcug augucauccc ggcucggaga cgcggggaga agcggggagc auugcucucc 2160
 ccgagaccca uuucgaccuu gaagggggucc ucggggggggc cggugcucug ccuaggggg 2220
 cacgucguug ggcucuuccg agcagcugug ugcucucggg gcguggccaa auccaucgau 2280
 uucauccccg uugagacacu cgacguuguu acaaggucuc ccacuucag ugacaacagc 2340
 acgccaccgg cugugcccca gaccuauacg gucggguacu ugcaugcucc aacuggcagu 2400
 ggaaagagca ccaagguccc ugucgcguau gccgccagg gguacaaagu acuagucuu 2460
 aaccucugc uagcugccac ccuggggguuu ggggcguacc uauccaaggc acauggcauc 2520
 aauccaaca uuaggacugg agucaggacc gugaugaccg gggaggccau cacguacucc 2580
 acauauaggc aauuucucgc cgauggggggc ugcgcuagcg gcgccuaua caucaucau 2640
 ugcgaugaau gccacgcugu ggaugcuacc uccaucucg gcaucggaac gguccuugau 2700
 caagcagaga cagccggggg cagacuaacu gugcuggcua cggccacacc cccggguca 2760
 gugacaacc ccaucccg auaagaagag guaggccucg ggcgggaggg ugagaucccc 2820
 uuauaggga gggcgauucc ccuauccugc aucaaggag ggagacaccu gauuuucugc 2880
 cacucaaaaga aaaaguguga cgagcucgcg gcggcccuuc ggggcauggg cuugaaugcc 2940
 guggcauacu auagaggggu ggacgucucc auauuaccag cucagggaga ugugguguc 3000
 gucgccaccg acgccucau gacggggguac acuggagacu uugacuccgu gaucgacugc 3060
 aauguagcgg ucaccaagc ugucgacuuc agccuggacc ccaccuucac uauaaccaca 3120
 cagacugucc cacaagacgc ugucucacgc agucagcgcc gcgggcgac agguagagga 3180
 agacagggca cuuauaggua uguuuccacu ggugaacgag ccucaggau guuugacagu 3240
 guagugcuuu gugagugcua cgacgcaggg gcugcguggu acgaucucac accagcgag 3300
 accaccguca ggcuuagagc guauuucaac acgcccggcc uaccgugug ucaagaccu 3360
 cuugaauuuu gggaggcgagu uuucaccggc cucacacaca uagacgcca cuuccucucc 3420
 caaacaagc aagcggggga gaacuucgcg uaccuaguag ccuaccaagc uacggugugc 3480
 gccagagcca agggccucc cccguccugg gacgccaugu ggaagugccu ggcccgcac 3540
 aagccuacgc uugcggggcc cacaccucuc cuguaccguu uggggccuau uaccaaugag 3600
 gucaccuca cacaccugg gacgaaguac aucgccacu gcaugcaagc ugaccuugag 3660
 gucaugacca gcacgugggu ccuagcugga ggaguccugg cagccgucgc cgcauuuugc 3720
 cuggcgacug gaugcguuuc caucaucggc cgcuugcacg ucaaccagcg agucgucguu 3780
 gcgccggaua aggagguccu guaugaggcu uuugaugaga uggaggaaug cgccuucagg 3840
 gcggcucuca ucgaagaggg gcagcggaau gccgagaugu ugaaguccaa gauccaaggc 3900

uugcugcagc	aggccucuaa	gcaggcccag	gacauacaac	ccgcuaugca	ggcuucaugg	3960
cccaaagugg	aacaauuuug	ggccagacac	auguggaacu	ucauuagcgg	cauccaauac	4020
cucgcaggau	ugucaacacu	gccagggaac	cccgcggugg	cuuccaugau	ggcauucagu	4080
gccgcccuca	ccaguccguu	gucgaccagu	accaccaucc	uucucaacau	caugggaggc	4140
ugguuagcgu	cccagaucgc	accaccgcg	ggggccaccg	gcuuugucgu	caguggccug	4200
gugggggcug	ccgugggcag	cauaggccug	gguaaggugc	ugguggacau	ccuggcagga	4260
uauggugcgg	gcauuucggg	ggcccucguc	gcauucaaga	ucaugucugg	cgagaagccc	4320
ucuauggaag	augucaucaa	ucuacugccu	gggauccugu	cuccgggagc	ccugguggug	4380
ggggucaucu	gcgcggccau	ucugcgccgc	cacguggggac	cgggggaggg	cgcgguccaa	4440
uggaugaaca	ggcuuauugc	cuuugcuucc	agaggaaacc	acgucgccc	uacucacuac	4500
gugacggagu	cggaugcguc	gcagcgugug	acccaacuac	uuggcucucu	uacuaaacc	4560
agccuacuca	gaagacucca	caauuggaua	acugaggacu	gccccauccc	augcuccgga	4620
uccuggcucc	gcgacgugug	ggacuggguu	ugcaccacu	ugacagacuu	caaaaauugg	4680
cugaccucua	aauguuucc	caagcugccc	ggccuccccu	ucaucucuug	ucaaaagggg	4740
uacaagggug	ugugggcccgg	cacuggcauc	augaccacgc	gcugcccuug	cggcgccaac	4800
aucucuggca	auguccgccu	gggcucuaug	aggaucacag	ggccuaaaac	cugcaugaac	4860
accuggcagg	ggaccuuucc	uaucuuugc	uacacggagg	gccagugcgc	gccgaaacc	4920
cccacgaacu	acaagaccgc	caucuggagg	guggcggccu	cggaguacgc	ggaggugacg	4980
cagcaugggu	cguacuccua	uguaacagga	cugaccacug	acaaucugaa	aaauccuugc	5040
caacuaccuu	cuccagaguu	uuucuccugg	guggacggug	ugcagaucca	uagguuugca	5100
cccacaccaa	agccguuuuu	ccgggaugag	gucucguucu	gcguugggcu	uaauuccuau	5160
gcugucgggu	cccagcuucc	cugugaaccu	gagcccagc	cagacguauu	gagguccaug	5220
cuaacagauc	cgccccacau	cacggcgagg	acugcggcgc	ggcgcuuagg	acggggauca	5280
ccuccaucug	aggcgagcuc	cucagugagc	cagcuauacg	caccgucgcu	gcggggccacc	5340
ugcaccaccc	acagcaaac	cuaugacgug	gacauggucg	augccaaccu	gcucauggag	5400
ggcggugugg	cucagacaga	gccugagucc	aggguagccc	uucuggacuu	ucucgagcca	5460
auggccgagg	aagagagcga	ccuugagccc	ucaauaccu	cggagugcau	gcuccccagg	5520
agcggguuuc	cacgggccc	accggcuugg	gcacggccug	acuacaacc	gccgcucgug	5580
gaaucgugga	ggaggccaga	uuaccaaccg	cccaccguug	cugguugugc	ucucuccccc	5640
cccaagaagg	ccccgacgcc	ucccccagg	agacgccgga	cagugggucu	gagcgagagc	5700
accuauacag	aagcccucca	gcaacuggcc	aucaagaccu	uuggccagcc	ccccucgagc	5760
ggugaugcag	gcucguccac	ggggcggggc	gccgccgaau	ccggcggucc	gacgucccu	5820
ggugagccgg	ccccucaga	gacagguucc	gccuccucua	ugccccccu	cgagggggag	5880
ccuggagauc	cggaccugga	gucugaucag	guagagcuuc	aaccuccccc	ccaggggggg	5940
gggguagcuc	ccgguucggg	cucggggucu	uggucuacuu	gcuccgagga	ggacgauacc	6000
accgugugcu	gcuccauguc	auacuccugg	accggggcuc	uaauaacucc	cuguagcccc	6060
gaagaggaaa	aguugccaau	caaccuuug	aguaacucgc	uguugcgaua	ccauaacaag	6120
guguacugua	caacaucaaa	gagcgccuca	cagagggcua	aaaagguaac	uuuugacagg	6180
acgcaagugc	ucgacgccc	uuauagacu	gucuuaaagg	acaucaagcu	agcggcuucc	6240
aaggucagcg	caaggcuccu	caccuuggag	gaggcgugcc	aguugacucc	accccauucu	6300
gcaagaucca	aguauaggau	cggggccaag	gagguccgca	gcuuguccgg	gagggccguu	6360
aaccacauca	aguccgugug	gaaggaccuc	cuggaagacc	cacaaacacc	aaaucccaca	6420
accuauaugg	ccaaaaauga	gguguucugc	guggacccc	ccaagggggg	uaagaaacca	6480
gcucgccuca	ucguuuaccc	ugaccucggc	guccgggucu	gcgagaaaau	ggcccucua	6540
gacauuacac	aaaagcuucc	ucaggcggu	augggagcuu	ccuauggcuu	ccaguacucc	6600
ccugcccaac	ggguggagua	ucucuugaaa	gcaugggcgg	aaaagaagga	ccccaugggu	6660
uuuucguaug	auaccggaug	cuucgacuca	accgucacug	agagagacau	caggaccgag	6720
gaguccauau	accaggccug	cucccugccc	gaggaggccc	gcacugccau	acacucgcug	6780
acugagagac	uuuacguagg	agggcccaug	uucaacagca	agggucaaac	cugcgguuac	6840
agacguugcc	gcgccagcgg	ggugcuaacc	acuagcaugg	guaacaccu	cacaugcua	6900

gugaaaagccc	uagcggccug	caaggcugcg	gggauaguug	cgcccacaau	gcugguau	gc	6960
ggcgaugacc	uaguaguc	cucagaaagc	caggggacug	aggaggacga	gcggaaccug	gc	7020
agagccuuc	cggaggccau	gaccagguac	ucugcccuc	cuggugaucc	ccccagaccg	gc	7080
gaaauagacc	uggagcuaau	aacaucug	uccucaaau	ugucuguggc	guugggccc	gc	7140
cggggccgcc	gcagauacua	ccugaccaga	gaccaacca	cuccacucgc	ccgggcugcc	gc	7200
ugggaaacag	uuagacacuc	cccuauc	ucauggcugg	gaaacaucau	ccaguaugcu	gc	7260
ccaaccuau	ggguucgcau	gguccuaug	acacacuuc	ucuccauuc	caugguccaa	gc	7320
gacaccuug	accagaaccu	caacuugag	augauaggau	caguauacuc	cgugaauccu	gc	7380
uuggaccuuc	cagccauaau	ugagagguua	cacgggcuug	acgccuuuuc	uaugcacaca	gc	7440
uacucucacc	acgaacugac	gcggguggc	ucagccuca	gaaaacuugg	ggcgccacc	gc	7500
cucaggguu	ggaagagucg	ggcucgcgc	gucagggcgu	cccucaucuc	ccguggagg	gc	7560
aaagcggccg	uuugcggccg	auaucucuuc	aauggggcg	ugaagaccaa	gcucaaacuc	gc	7620
acuccauug	cggaggcgcg	ccuacuggac	uuauccaguu	gguucaccgu	cggcgccggc	gc	7680
gggggcgaca	uuuuucacag	cgugucgcgc	gcccgacccc	gcucuuuacu	cuucggccua	gc	7740
cuccuacuuu	ucguaggggu	aggccucuc	cuacuccccg	cucgguaagag	cggcacacac	gc	7800
uagguacacu	ccauagcu	cuguuccuuu	uuuuuuuuuu	uuuuuuuuuu	uuuuuuuuuu	gc	7860
uuuuuuuuuu	uuuuuuuuuu	uuuuuccuc	uuucuuuccu	ucucaucua	uucuacuuuc	gc	7920
uuucuuugg	gcuccauuc	agcccuaguc	acggcuagcu	gugaaagguc	cgugagccgc	gc	7980
augacugcag	agagugccgu	aacuggucuc	ucugcagauc	augu		gc	8024

<210> 2

<211> 8024

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: replicon

<400> 2

acccgccccu	aaauagggcg	acacuccgcc	augaaucacu	ccccugugag	gaacuacugu	gc	60
cuucacgcag	aaagcgucua	gccauggcgu	uaguaugagu	gucguacagc	cuccaggccc	gc	120
ccccucccg	ggagagccau	aguggucugc	ggaaccggug	aguacaccgg	aaaugccggg	gc	180
aagacugggu	ccuuucuuug	auaaaccac	ucuaugcccg	gccauuuggg	cgugcccccg	gc	240
caagacugcu	agccgaguag	cguuggguug	cgaaggccu	ugugguacug	ccugauagg	gc	300
ugcuugcgag	ugccccggga	ggucucguag	accgucacc	augagcaca	aucccaaacc	gc	360
ucaaagaaaa	acaaaagaa	acacuaaccg	ucgcccuaug	auugaacaag	auggauugca	gc	420
cgcagguucu	ccggccgcuu	ggguggagag	gcuauucggc	uauagacugg	cacaacagac	gc	480
aaucggcugc	ucugaugccg	ccguuuccg	gcugucagcg	caggggcgcc	cgguuuuuu	gc	540
ugucaagacc	gaccuguccg	gugcccugaa	ugaacugcag	gacgaggcag	cgcggcuauc	gc	600
guggcuggcc	acgacgggcg	uuccuugcgc	agcugugcuc	gacguuguca	cugaagcggg	gc	660
aagggaugc	cugcuauugg	gcgaagugcc	ggggcaggau	cuccugucau	cucaccuugc	gc	720
uccugccgag	aaaguaucca	ucauggcuga	ugcaauugcg	cggcugcaua	cgcuugauc	gc	780
ggcuaccugc	ccauucgacc	accaagcgaa	acaucgcauc	gagcgagcac	guacucggau	gc	840
ggaagccggu	cuugucgauc	aggauaucu	ggacgaagag	caucaggggc	ucgcgccagc	gc	900
cgaacuguu	gccaggcuca	aggcgcgcau	gcccgaaggc	gaggauucuc	ucgugaccca	gc	960
uggcgaugcc	ugcuugccga	auaucauggu	ggaaaauggc	cgcuuuucug	gauucaucga	gc	1020
cuguggccgg	cugggugugg	cggaccgcua	ucaggacaua	gcguuggcua	cccugauau	gc	1080
ugcugaagag	cuuggcggcg	aaugggcuga	ccgcuuccuc	gugcuuuacg	guaucgccc	gc	1140
ucccgauucg	cagcgcaucg	ccuucuaucg	ccuucuuugac	gaguucuuu	gaguuaaac	gc	1200

ccucuccuc	ccccccccc	aacguuacug	gccgaagccg	cuuggaauaa	ggccggugug	1260
cguuugucua	uauguuauuu	uccaccauau	ugccgucuuu	uggcaauugug	agggcccggga	1320
aaccugggccc	ugucuucuuug	acgagcauuc	cuaggggucuc	uuccccucuc	gccaaaggaa	1380
ugcaaggucuc	guugaauguc	gugaaggaag	caguuccucuc	ggaagcuucu	ugaagacaaa	1440
caacgucugu	agcgacccuu	ugcaggcagc	ggaaccccc	accuggcgac	aggugccucu	1500
gcggccaaaa	gccacgugua	uaagauacac	cugcaaaggc	ggcacaacc	cagugccacg	1560
uugugaguug	gauaguugug	gaaagaguca	aauggcucuc	cucaagcgua	uucaacaagg	1620
ggcugaagga	ugcccagaag	guaccccauu	guaugggauc	ugaucugggg	ccucggugca	1680
caugcuuuac	auguguuuag	ucgagguuaa	aaaaacguc	aggccccccg	aaccacgggg	1740
acgugguuuu	ccuuugaaaa	acacgauaau	accauggccc	ccaucaccgc	uuacgccag	1800
cagacacgag	gucucuuggg	cucuauagug	gugagcauga	cggggcguga	caagacagaa	1860
caggccgggg	agguccaagu	ccuguccaca	gucacucagu	ccuuccucgg	aacauccauu	1920
ucgggggucuc	uauggacugu	uuaccacgga	gcuggcaaca	agacacuagc	cggcucgcgg	1980
ggcccgguca	cgcagaugua	cucgagcgcc	gagggggacu	uggucgggug	gccagcccu	2040
ccugggacca	aaucuugga	gccguguacg	uguggagcgg	ucgaccugua	uuuggucacg	2100
cggaaacgcug	augucauccc	ggcucgaaga	cgcggggaca	agcggggagc	gcugcucucc	2160
ccgagacccc	uuucgaccuu	gaaggggucc	ucggggggac	cugugcuuug	cccuaggggc	2220
cacgcugucg	gaaucuuccg	ggcagcugug	ugcucucggg	guguggcuua	guccauagau	2280
uucauccccg	uugagacgcu	cgacaucguc	acgcggucuc	ccaccuuuag	ugacaacagc	2340
acaccaccag	cugugcccca	gaccuauag	gugggguauc	ugcacgccc	cacuggcagu	2400
ggaaaaagca	ccaagguccc	cgucgcguac	gccgcccagg	gguauaaagu	gcuggugcuc	2460
aaucccucgg	uggcugccac	ccugggauuu	ggggcguauc	uguccaaggc	acauggcauc	2520
aaccccaaca	uuaggacugg	agucagaacu	gugacgaccg	gggagcccau	uacauacucc	2580
acguauggua	aauccucgc	cgaugggggc	ugcgcaggcg	gcgccuaua	caucaucaua	2640
ugcgaugaau	gccacucugu	ggaugcuacc	acuauucucg	gcaucgggac	aguccuugac	2700
caagcagaga	cagccggggu	caggcuacu	guacuggcca	cggccacgcc	ccccgggucg	2760
gugacaaccc	cccuauccaa	uauagaggag	guagcccucg	gacaggaggg	ugagaucccc	2820
uucuauggga	gggcguuucc	ccugucuuac	aucaaggag	ggaggcacuu	gauuuucugc	2880
cacucaaaaga	aaaaguguga	cgagcucgca	acggcccuuc	ggggcauggg	cuugaacgcu	2940
guggcauauu	acagaggguu	ggacgucucc	auaaauacca	cucaaggaga	uguggugguc	3000
guugccaccg	acgccucacu	gacggguau	acuggagacu	uugacuccgu	gaucgacugc	3060
aacguagcgg	ucaccaggc	cguagacuuc	agccuggacc	ccaccuucac	uauaaccaca	3120
cagacugucc	cgcaagacgc	ugucucacgu	agucagcgcc	gagggcgcac	ggguagagga	3180
agacugggca	uuuauaggua	uguuuccacu	ggugagcgag	ccucaggaa	guuugacagu	3240
guaguacucu	gugagugcua	cgacgcagga	gcugcuuggu	augagcucuc	accaguggag	3300
acgaccguca	ggcucagggc	guauuucac	acgccuggcu	ugccugugug	ccaggaccac	3360
cuugaguuuu	gggaggcagu	uuuaccggc	cucacacaca	uagacgcuca	uuuccuuucc	3420
cagacaaagc	agucggggga	aaauuucgca	uacuuaguag	ccuaucaggc	cacagugugc	3480
gccaggggcca	aagcgcccc	cccguccugg	gacgucaugu	ggaagugcuu	gacucgacuc	3540
aagcccacgc	uugugggccc	uacaccucuc	cuguaccguu	ugggcucugu	uaccaacgag	3600
gucaccuuua	cacaccccgu	gacaaaauac	aucgccacau	gcaugcaagc	ugaccucgag	3660
gucaugacca	gcacgugggu	ccuggcuggg	ggagucuuag	cagccgucgc	cgcguauugc	3720
uuagcgaccg	gguguguuuc	caucauuggc	cguuuacaca	ucaaccagcg	agcugucguc	3780
gcuccggaca	aggagguccu	cuaugaggcu	uuugaugaga	uggaggaaug	ugccuccaga	3840
gcggcucucc	uugaagaggg	gcagcggaau	gccgagaugc	ugaaguccaa	gauccaaggc	3900
uuauugcagc	aagccucuaa	acaggcccag	gacauacaac	ccgcugugca	agcuucgugg	3960
cccaagaugg	agcaauucug	ggccaaacau	auguggaacu	ucauaagcgg	cauucaguac	4020
cucgcaggac	ugucaacacu	gccagggaac	ccugcugugg	cuuccaugau	ggcauucagc	4080
gccgcccuca	ccaguccguu	gucaacuagc	accaccaucc	uucuuuacau	ucugggggggc	4140
uggcuggcgu	cccaauugc	gccaccgcg	ggggccacug	gcuuuguugu	caguggccug	4200

guggggagcug cuguuggcag cauaggcuug gguaaagugc ugguggacau ccuggcaggg 4260
 uauggugcgg gcauuucggg ggcccucguc gcguuuuaga ucaugucugg cgagaagccc 4320
 uccauggagg augucauaa cuugcugccu gggauucugu cuccaggugc ucugguggug 4380
 ggagucaucu gcgcggccau ucugcgccgc caugugggac cgggggaagg cgcgguccaa 4440
 uggaugaaca ggcuuauccg cuucgcuucc agaggaaacc acgucgcccc uacucacuac 4500
 gugacggagu cggauccguc gcagcguguc acccaacugc uuggcucucu cacuaaacu 4560
 agucuacuca ggagacuua caacuggauc acugaggauu gcccacucc augcgccggc 4620
 ucguggcucc gcgaugugug ggacuggguc uguaccaucc uaacagacuu uaagaacugg 4680
 cugaccucca agcuguucc aaagaugccu ggccuccccu uuauucuuug caaaaggggg 4740
 uacaaggggc uguggggcgg cacuggcauc augaccacac gaugcccug cggcgccaac 4800
 aucucuggca acguccgcuu gggcucuaug agaauacag gacccaaaac cugcaugaac 4860
 accuggcagg ggaccuuucc uaucaauugu uauacagaag gccagugcuu gccgaaacc 4920
 gcguuaaacu ucaagaccgc caucuggaga guggcgccu cagaguacgc ggaagugacg 4980
 cagcacggau cauauccua uauaacaggg cugaccacug acaacuuaa agucccuugc 5040
 caacuccccu cuccagaguu uuucucuugg guggacggag uacaaaacca uagguccgcc 5100
 cccacaccaa agccguuuuu ccgggaugag gucucguuca gcguugggcu caauucauu 5160
 gucgucgggu cucagcuucc cugugacccu gagcccgaca cugagguagu gauguccaug 5220
 cuaacagacc caucccauau cacggcgagg gcugcagcgc ggcguuagc gcggggguca 5280
 ccccaucug aggcaagcuc cucagcgagc cagcugucgg cgccaucgu gcgagccacc 5340
 ugcaccacc acgguaggac cuauaugug gacauuggug augccaaccu guucaugggg 5400
 ggcgccguga uucggauaga gucugagucc aaaguggucg uucuggacuc ccucgacuca 5460
 augaccgagg aagagggcga ccuugagccu ucaguaccu cggaguauau gcuccccagg 5520
 aagagguucc caccggccuu accggcuugg gcgcggccug auuacaacc accgcuugug 5580
 gaucgugga agaggccaga uuaccaacca cccacuguug cgggcugugc ucucuccccc 5640
 cccaaaaga cccgacgcc uccuccaagg agacgccgga cagugggucu gagcgagagc 5700
 accauaggag augccucca acagcuggcc aucaaguccu uggccagcc cccccaagc 5760
 ggcgauucag gccuuuccac gggggcgagc gccgccgacu ccggcgaucg gacaccccu 5820
 gacgaguugg cucuuucgga gacagguucu accuccucca ugccccccu cgagggggag 5880
 ccuggggacc cagaccugga gccugagcag guagagcuuc aaccuccucc ccaggggggg 5940
 gaggcagcuc ccggcucgga cucggggucc uggucuacuu gcuccgagga ggauagucc 6000
 gucgugugcu gcuccauguc auauuccugg accggggcuc uaauaacucc uuguagcccc 6060
 gaagaggaag aguugccaau uaacuccuug agcaacucgc uguugcgaua ccuaaacaag 6120
 guauacugua cuacaucua gagugccua cuaaggcgua aaaagguaac uuugauagg 6180
 augcaagugc ucgacgccua uuaugauuca gucuuaaagg acaucaagcu agcgggccucc 6240
 aaggucagcg caaggcuccu caccuuagag gaggcgugcc aaugacccc accccacucu 6300
 gcaagaucua aguauugguu uggggcuuag gagguccga gcuuguccgg gagggccguc 6360
 aaccacauca aguccgugug gaaggaccuc uuggaagacu cacaacacc aaauccuaca 6420
 accauaugg ccaaaauga gguguucugc guggaccccg ccaagggggg uaaaaacca 6480
 gcucgccuua ucguuuacc ugaccucggc gucaggguu gcgagaagau ggccuuuau 6540
 gaugucacac aaaagcuucc ucaggcgug augggggcuu cuuauggcuu ccaguacucc 6600
 cccgcucagc ggguggaguu ucucuugaag gcauggcgcg aaaagagaga ccuauugggu 6660
 uuucguaug auaccgag cuuugacuca accgucacug agagagacau caggacugag 6720
 gaguccauau accaggccug cuccuuacc gaggaggccc gaacugccau acacucgug 6780
 acugagagac ucuauguggg agggcccaug uucaacagca agggccaguc cugcgguuac 6840
 aggcguugc gcgccagcgg ggugcuuacc acuaguaugg ggaacaccu cacaugcuau 6900
 guaaaagccc uagcggcuug caaggcugcg gggauauug cggccacgau gcugguau 6960
 ggcgacgacu uggucgucau cucagaaagc caggggacug aggaggacga gcggaaccug 7020
 agagccuua cggaggcuau gaccagguau ucugccccc cuggugaccc cccagaccg 7080
 gaauaugacc uggagcuau aacaucuuu uccucaaagc ugucuguggc acuuggccca 7140
 caggggccgc gcagauacua ccugaccaga gacccacca cuucaauugc ccgggcugcc 7200

```

ugggaaacag uuagacacuc ccugucaau ucauggcugg gaaacaucau ccaguacgcu 7260
ccaaccauau gggguucgcau gguccugaug acacacuucu ucuccauucu cauggcccag 7320
gacaccuag accagaaccu uaacuugaa auguacggau cgguguacuc cgugaguccu 7380
cuggaccucc cagccauaau ugaaagguua cacgggcuug acgccuucuc ucugcacaca 7440
uacacucccc acgaacugac gcggguggcu ucagcccua gaaaacuugg ggcgccacc 7500
cucagagcgu ggaagagucg ggcgcgugca guuaggcgcu ccucaucuc ccgugggggg 7560
agggcgccg uuugcggucg guaccucuuc aacugggcgg ugaagacc aa gcuaaacuc 7620
acuccuuugc cggaggcacg ccuccuggau uuguccaguu gguuuaccgu cggcgccggc 7680
ggggcgaca uuuaucacag cgugucgcu gcccgaaccc gccuauuacu ccuagccua 7740
cuccuacuuu cuguaggggu aggcucuc cuacucccg cucgauagag cggcacacau 7800
uagcuacacu ccuagcu aa cuguuccuuu uuuuuuuuuu uuuuuuuuuu uuuuuuuuuu 7860
uuuuuuuuu cuuuuuuuu uuuuuuccuc uuucuuuccu ucucaucua uucuaucuc 7920
uuucuuuggu gcuccaucu agcccuaguc acggcuagcu gugaaagguc cgugagccgc 7980
augacugcag agagugccgu aacuggucuc ucugcagauc augu 8024

```

<210> 3

<211> 9678

<212> DNA

<213> Hepatitis C virus

<220>

<221> CDS

<222> (341)..(9442)

<400> 3

```

acctgccct aatagggcg acactccgcc atgaatcact cccctgtgag gaactactgt 60
cttcacgcag aaagcgcta gccatggcgt tagtatgagt gtcgtacagc ctccaggccc 120
ccccctcccg ggagagccat agtggctctgc ggaaccggtg agtacaccgg aattgccggg 180
aagactgggt cttttcttgg ataaaccac tctatgcccg gccatttggg cgtgcccccg 240
caagactgct agccgagtag cgttgggttg cgaaaggcct tgtggtactg cctgataggg 300
cgcttgcgag tgccccgga ggtctcgtag accgtgcacc atg agc aca aat cct 355
                                   Met Ser Thr Asn Pro
                                   1 5
aaa cct caa aga aaa acc aaa aga aac acc aac cgt cgc cca gaa gac 403
Lys Pro Gln Arg Lys Thr Lys Arg Asn Thr Asn Arg Arg Pro Glu Asp
                                   10 15 20
gtt aag ttc ccg ggc ggc ggc cag atc gtt ggc gga gta tac ttg ttg 451
Val Lys Phe Pro Gly Gly Gly Gln Ile Val Gly Gly Val Tyr Leu Leu
                                   25 30 35
ccg cgc agg ggc ccc agg ttg ggt gtg cgc acg aca agg aaa act tcg 499
Pro Arg Arg Gly Pro Arg Leu Gly Val Arg Thr Thr Arg Lys Thr Ser

```

40	45	50	
gag cgg tcc cag cca cgt ggg aga cgc cag ccc atc ccc aaa gat cgg Glu Arg Ser Gln Pro Arg Gly Arg Arg Gln Pro Ile Pro Lys Asp Arg 55 60 65			547
cgc tcc act ggc aag gcc tgg gga aaa cca ggt cgc ccc tgg ccc cta Arg Ser Thr Gly Lys Ala Trp Gly Lys Pro Gly Arg Pro Trp Pro Leu 70 75 80 85			595
tat ggg aat gag gga ctc ggc tgg gca gga tgg ctc ctg tcc ccc cga Tyr Gly Asn Glu Gly Leu Gly Trp Ala Gly Trp Leu Leu Ser Pro Arg 90 95 100			643
ggc tct cgc ccc tcc tgg ggc ccc act gac ccc cgg cat agg tcg cgc Gly Ser Arg Pro Ser Trp Gly Pro Thr Asp Pro Arg His Arg Ser Arg 105 110 115			691
aac gtg ggt aaa gtc atc gac acc cta acg tgt ggc ttt gcc gac ctc Asn Val Gly Lys Val Ile Asp Thr Leu Thr Cys Gly Phe Ala Asp Leu 120 125 130			739
atg ggg tac atc ccc gtc gta ggc gcc ccg ctt agt ggc gcc gcc aga Met Gly Tyr Ile Pro Val Val Gly Ala Pro Leu Ser Gly Ala Ala Arg 135 140 145			787
gct gtc gcg cac ggc gtg aga gtc ctg gag gac ggg gtt aat tat gca Ala Val Ala His Gly Val Arg Val Leu Glu Asp Gly Val Asn Tyr Ala 150 155 160 165			835
aca ggg aac cta ccc ggt ttc ccc ttt tct atc ttc ttg ctg gcc ctg Thr Gly Asn Leu Pro Gly Phe Pro Phe Ser Ile Phe Leu Leu Ala Leu 170 175 180			883
ttg tcc tgc atc acc gtt ccg gtc tct gct gcc cag gtg aag aat acc Leu Ser Cys Ile Thr Val Pro Val Ser Ala Ala Gln Val Lys Asn Thr 185 190 195			931
agt agc agc tac atg gtg acc aat gac tgc tcc aat gac agc atc act Ser Ser Ser Tyr Met Val Thr Asn Asp Cys Ser Asn Asp Ser Ile Thr 200 205 210			979
tgg cag ctc gag gct gcg gtt ctc cac gtc ccc ggg tgc gtc ccg tgc Trp Gln Leu Glu Ala Ala Val Leu His Val Pro Gly Cys Val Pro Cys 215 220 225			1027
gag aga gtg ggg aat acg tca cgg tgt tgg gtg cca gtc tcg cca aac Glu Arg Val Gly Asn Thr Ser Arg Cys Trp Val Pro Val Ser Pro Asn 230 235 240 245			1075

atg gct gtg cgg cag ccc ggt gcc ctc acg cag ggt ctg cgg acg cac Met Ala Val Arg Gln Pro Gly Ala Leu Thr Gln Gly Leu Arg Thr His 250 255 260	1123
atc gat atg gtt gtg atg tcc gcc acc ttc tgc tct gct ctc tac gtg Ile Asp Met Val Val Met Ser Ala Thr Phe Cys Ser Ala Leu Tyr Val 265 270 275	1171
ggg gac ctc tgt ggc ggg gtg atg ctc gcg gcc cag gtg ttc atc gtc Gly Asp Leu Cys Gly Gly Val Met Leu Ala Ala Gln Val Phe Ile Val 280 285 290	1219
tcg ccg cag tac cac tgg ttt gtg caa gaa tgc aat tgc tcc atc tac Ser Pro Gln Tyr His Trp Phe Val Gln Glu Cys Asn Cys Ser Ile Tyr 295 300 305	1267
cct ggc acc atc act gga cac cgc atg gca tgg gac atg atg atg aac Pro Gly Thr Ile Thr Gly His Arg Met Ala Trp Asp Met Met Met Asn 310 315 320 325	1315
tgg tcg ccc acg gcc acc atg atc ctg gcg tac gtg atg cgc gtc ccc Trp Ser Pro Thr Ala Thr Met Ile Leu Ala Tyr Val Met Arg Val Pro 330 335 340	1363
gag gtc atc ata gac atc gtt agc ggg gct cac tgg ggc gtc atg ttc Glu Val Ile Ile Asp Ile Val Ser Gly Ala His Trp Gly Val Met Phe 345 350 355	1411
ggc ttg gcc tac ttc tct atg cag gga gcg tgg gcg aag gtc att gtc Gly Leu Ala Tyr Phe Ser Met Gln Gly Ala Trp Ala Lys Val Ile Val 360 365 370	1459
atc ctt ctg ctg gcc gct ggg gtg gac gcg ggc acc acc acc gtt gga Ile Leu Leu Leu Ala Ala Gly Val Asp Ala Gly Thr Thr Thr Val Gly 375 380 385	1507
ggc gct gtt gca cgt tcc acc aac gtg att gcc ggc gtg ttc agc cat Gly Ala Val Ala Arg Ser Thr Asn Val Ile Ala Gly Val Phe Ser His 390 395 400 405	1555
ggc cct cag cag aac att cag ctc att aac acc aac ggc agt tgg cac Gly Pro Gln Gln Asn Ile Gln Leu Ile Asn Thr Asn Gly Ser Trp His 410 415 420	1603
atc aac cgt act gcc ttg aat tgc aat gac tcc ttg aac acc ggc ttt Ile Asn Arg Thr Ala Leu Asn Cys Asn Asp Ser Leu Asn Thr Gly Phe 425 430 435	1651
ctc gcg gcc ttg ttc tac acc aac cgc ttt aac tcg tca ggg tgt cca Leu Ala Ala Leu Phe Tyr Thr Asn Arg Phe Asn Ser Ser Gly Cys Pro 1699	

440	445	450	
ggg cgc ctg tcc gcc tgc cgc aac atc gag gct ttc cgg ata ggg tgg Gly Arg Leu Ser Ala Cys Arg Asn Ile Glu Ala Phe Arg Ile Gly Trp 455 460 465			1747
ggc acc cta cag tac gag gat aat gtc acc aat cca gag gat atg agg Gly Thr Leu Gln Tyr Glu Asp Asn Val Thr Asn Pro Glu Asp Met Arg 470 475 480 485			1795
ccg tac tgc tgg cac tac ccc cca aag ccg tgt ggc gta gtc ccc gcg Pro Tyr Cys Trp His Tyr Pro Pro Lys Pro Cys Gly Val Val Pro Ala 490 495 500			1843
agg tct gtg tgt ggc cca gtg tac tgt ttc acc ccc agc ccg gta gta Arg Ser Val Cys Gly Pro Val Tyr Cys Phe Thr Pro Ser Pro Val Val 505 510 515			1891
gtg ggc acg acc gac aga cgt gga gtg ccc acc tac aca tgg gga gag Val Gly Thr Thr Asp Arg Arg Gly Val Pro Thr Tyr Thr Trp Gly Glu 520 525 530			1939
aat gag aca gat gtc ttc cta ctg aac agc acc cga ccg ccg cag ggc Asn Glu Thr Asp Val Phe Leu Leu Asn Ser Thr Arg Pro Pro Gln Gly 535 540 545			1987
tca tgg ttc ggc tgc acg tgg atg aac tcc act ggt ttc acc aag act Ser Trp Phe Gly Cys Thr Trp Met Asn Ser Thr Gly Phe Thr Lys Thr 550 555 560 565			2035
tgt ggc gcg cca cct tgc cgc acc aga gct gac ttc aac gcc agc acg Cys Gly Ala Pro Pro Cys Arg Thr Arg Ala Asp Phe Asn Ala Ser Thr 570 575 580			2083
gac ttg ttg tgc cct acg gat tgt ttt agg aag cat cct gat gcc act Asp Leu Leu Cys Pro Thr Asp Cys Phe Arg Lys His Pro Asp Ala Thr 585 590 595			2131
tat att aag tgt ggt tct ggg ccc tgg ctc aca cca aag tgc ctg gtc Tyr Ile Lys Cys Gly Ser Gly Pro Trp Leu Thr Pro Lys Cys Leu Val 600 605 610			2179
cac tac cct tac aga ctc tgg cat tac ccc tgc aca gtc aat ttt acc His Tyr Pro Tyr Arg Leu Trp His Tyr Pro Cys Thr Val Asn Phe Thr 615 620 625			2227
atc ttc aag ata aga atg tat gta ggg ggg gtt gag cac agg ctc acg Ile Phe Lys Ile Arg Met Tyr Val Gly Gly Val Glu His Arg Leu Thr 630 635 640 645			2275

gcc gca tgc aac ttc act cgt ggg gat cgc tgc gac ttg gag gac agg	2323
Ala Ala Cys Asn Phe Thr Arg Gly Asp Arg Cys Asp Leu Glu Asp Arg	
650 655 660	
gac agg agt cag ctg tct cct ctg ttg cac tct acc acg gaa tgg gcc	2371
Asp Arg Ser Gln Leu Ser Pro Leu Leu His Ser Thr Thr Glu Trp Ala	
665 670 675	
atc ctg ccc tgc acc tac tca gac tta ccc gct ttg tca act ggt ctt	2419
Ile Leu Pro Cys Thr Tyr Ser Asp Leu Pro Ala Leu Ser Thr Gly Leu	
680 685 690	
ctc cac ctt cac cag aac atc gtg gac gta caa tac atg tat ggc ctc	2467
Leu His Leu His Gln Asn Ile Val Asp Val Gln Tyr Met Tyr Gly Leu	
695 700 705	
tca cct gct atc aca aaa tac gtc gtt cga tgg gag tgg gtg gta ctc	2515
Ser Pro Ala Ile Thr Lys Tyr Val Val Arg Trp Glu Trp Val Val Leu	
710 715 720 725	
tta ttc ctg ctc tta gcg gac gcc aga gtc tgc gcc tgc ttg tgg atg	2563
Leu Phe Leu Leu Leu Ala Asp Ala Arg Val Cys Ala Cys Leu Trp Met	
730 735 740	
ctc atc ttg ttg ggc cag gcc gaa gca gca ttg gag aag ttg gtc gtc	2611
Leu Ile Leu Leu Gly Gln Ala Glu Ala Ala Leu Glu Lys Leu Val Val	
745 750 755	
ttg cac gct gcg agt gcg gct aac tgc cat ggc ctc cta tat ttt gcc	2659
Leu His Ala Ala Ser Ala Ala Asn Cys His Gly Leu Leu Tyr Phe Ala	
760 765 770	
atc ttc ttc gtg gca gct tgg cac atc agg ggt cgg gtg gtc ccc ttg	2707
Ile Phe Phe Val Ala Ala Trp His Ile Arg Gly Arg Val Val Pro Leu	
775 780 785	
acc acc tat tgc ctc act ggc cta tgg ccc ttc tgc cta ctg ctc atg	2755
Thr Thr Tyr Cys Leu Thr Gly Leu Trp Pro Phe Cys Leu Leu Leu Met	
790 795 800 805	
gca ctg ccc cgg cag gct tat gcc tat gac gca cct gtg cac gga cag	2803
Ala Leu Pro Arg Gln Ala Tyr Ala Tyr Asp Ala Pro Val His Gly Gln	
810 815 820	
ata ggc gtg ggt ttg ttg ata ttg atc acc ctc ttc aca ctc acc ccg	2851
Ile Gly Val Gly Leu Leu Ile Leu Ile Thr Leu Phe Thr Leu Thr Pro	
825 830 835	
ggg tat aag acc ctc ctc ggc cag tgt ctg tgg tgg ttg tgc tat ctc	2899
Gly Tyr Lys Thr Leu Leu Gly Gln Cys Leu Trp Trp Leu Cys Tyr Leu	

840	845	850	
ctg acc ctg ggg gaa gcc atg att cag gag tgg gta cca ccc atg cag Leu Thr Leu Gly Glu Ala Met Ile Gln Glu Trp Val Pro Pro Met Gln 855 860 865			2947
gtg cgc ggc ggc cgc gat ggc atc gcg tgg gcc gtc act ata ttc tgc Val Arg Gly Gly Arg Asp Gly Ile Ala Trp Ala Val Thr Ile Phe Cys 870 875 880 885			2995
ccg ggt gtg gtg ttt gac att acc aaa tgg ctt ttg gcg ttg ctt ggg Pro Gly Val Val Phe Asp Ile Thr Lys Trp Leu Leu Ala Leu Leu Gly 890 895 900			3043
cct gct tac ctc tta agg gcc gct ttg aca cat gtg ccg tac ttc gtc Pro Ala Tyr Leu Leu Arg Ala Ala Leu Thr His Val Pro Tyr Phe Val 905 910 915			3091
aga gct cac gct ctg ata agg gta tgc gct ttg gtg aag cag ctc gcg Arg Ala His Ala Leu Ile Arg Val Cys Ala Leu Val Lys Gln Leu Ala 920 925 930			3139
ggg ggt agg tat gtt cag gtg gcg cta ttg gcc ctt ggc agg tgg act Gly Gly Arg Tyr Val Gln Val Ala Leu Leu Ala Leu Gly Arg Trp Thr 935 940 945			3187
ggc acc tac atc tat gac cac ctc aca cct atg tcg gac tgg gcc gct Gly Thr Tyr Ile Tyr Asp His Leu Thr Pro Met Ser Asp Trp Ala Ala 950 955 960 965			3235
agc ggc ctg cgc gac tta gcg gtc gcc gtg gaa ccc atc atc ttc agt Ser Gly Leu Arg Asp Leu Ala Val Ala Val Glu Pro Ile Ile Phe Ser 970 975 980			3283
ccg atg gag aag aag gtc atc gtc tgg gga gcg gag acg gct gca tgt Pro Met Glu Lys Lys Val Ile Val Trp Gly Ala Glu Thr Ala Ala Cys 985 990 995			3331
ggg gac att cta cat gga ctt ccc gtg tcc gcc cga ctc ggc cag gag Gly Asp Ile Leu His Gly Leu Pro Val Ser Ala Arg Leu Gly Gln Glu 1000 1005 1010			3379
atc ctc ctc ggc cca gct gat ggc tac acc tcc aag ggg tgg aag ctc Ile Leu Leu Gly Pro Ala Asp Gly Tyr Thr Ser Lys Gly Trp Lys Leu 1015 1020 1025			3427
ctt gct ccc atc act gct tat gcc cag caa aca cga ggc ctc ctg ggc Leu Ala Pro Ile Thr Ala Tyr Ala Gln Gln Thr Arg Gly Leu Leu Gly 1030 1035 1040 1045			3475

gcc ata gtg gtg agt atg acg ggg cgt gac agg aca gaa cag gcc ggg 3523
 Ala Ile Val Val Ser Met Thr Gly Arg Asp Arg Thr Glu Gln Ala Gly
 1050 1055 1060

gaa gtc caa atc ctg tcc aca gtc tct cag tcc ttc ctc gga aca acc 3571
 Glu Val Gln Ile Leu Ser Thr Val Ser Gln Ser Phe Leu Gly Thr Thr
 1065 1070 1075

atc tcg ggg gtt ttg tgg act gtt tac cac gga gct ggc aac aag act 3619
 Ile Ser Gly Val Leu Trp Thr Val Tyr His Gly Ala Gly Asn Lys Thr
 1080 1085 1090

cta gcc ggc tta cgg ggt ccg gtc acg cag atg tac tcg agt gct gag 3667
 Leu Ala Gly Leu Arg Gly Pro Val Thr Gln Met Tyr Ser Ser Ala Glu
 1095 1100 1105

ggg gac ttg gta ggc tgg ccc agc ccc cct ggg acc aag tct ttg gag 3715
 Gly Asp Leu Val Gly Trp Pro Ser Pro Pro Gly Thr Lys Ser Leu Glu
 1110 1115 1120 1125

ccg tgc aag tgt gga gcc gtc gac cta tat ctg gtc acg cgg aac gct 3763
 Pro Cys Lys Cys Gly Ala Val Asp Leu Tyr Leu Val Thr Arg Asn Ala
 1130 1135 1140

gat gtc atc ccg gct cgg aga cgc ggg gac aag cgg gga gca ttg ctc 3811
 Asp Val Ile Pro Ala Arg Arg Arg Gly Asp Lys Arg Gly Ala Leu Leu
 1145 1150 1155

tcc ccg aga ccc att tcg acc ttg aag ggg tcc tcg ggg ggg ccg gtg 3859
 Ser Pro Arg Pro Ile Ser Thr Leu Lys Gly Ser Ser Gly Gly Pro Val
 1160 1165 1170

ctc tgc cct agg ggc cac gtc gtt ggg ctc ttc cga gca gct gtg tgc 3907
 Leu Cys Pro Arg Gly His Val Val Gly Leu Phe Arg Ala Ala Val Cys
 1175 1180 1185

tct cgg ggc gtg gcc aaa tcc atc gat ttc atc ccc gtt gag aca ctc 3955
 Ser Arg Gly Val Ala Lys Ser Ile Asp Phe Ile Pro Val Glu Thr Leu
 1190 1195 1200 1205

gac gtt gtt aca agg tct ccc act ttc agt gac aac agc acg cca ccg 4003
 Asp Val Val Thr Arg Ser Pro Thr Phe Ser Asp Asn Ser Thr Pro Pro
 1210 1215 1220

gct gtg ccc cag acc tat cag gtc ggg tac ttg cat gct cca act ggc 4051
 Ala Val Pro Gln Thr Tyr Gln Val Gly Tyr Leu His Ala Pro Thr Gly
 1225 1230 1235

agt gga aag agc acc aag gtc cct gtc gcg tat gcc gcc cag ggg tac 4099
 Ser Gly Lys Ser Thr Lys Val Pro Val Ala Tyr Ala Ala Gln Gly Tyr

1240	1245	1250	
aaa gta cta gtg ctt aac ccc tcg gta gct gcc acc ctg ggg ttt ggg			4147
Lys Val Leu Val Leu Asn Pro Ser Val Ala Ala Thr Leu Gly Phe Gly			
1255	1260	1265	
gcg tac cta tcc aag gca cat ggc atc aat ccc aac att agg act gga			4195
Ala Tyr Leu Ser Lys Ala His Gly Ile Asn Pro Asn Ile Arg Thr Gly			
1270	1275	1280	1285
gtc agg acc gtg atg acc ggg gag gcc atc acg tac tcc aca tat ggc			4243
Val Arg Thr Val Met Thr Gly Glu Ala Ile Thr Tyr Ser Thr Tyr Gly			
1290	1295	1300	
aaa ttt ctc gcc gat ggg ggc tgc gct agc ggc gcc tat gac atc atc			4291
Lys Phe Leu Ala Asp Gly Gly Cys Ala Ser Gly Ala Tyr Asp Ile Ile			
1305	1310	1315	
ata tgc gat gaa tgc cac gct gtg gat gct acc tcc att ctc ggc atc			4339
Ile Cys Asp Glu Cys His Ala Val Asp Ala Thr Ser Ile Leu Gly Ile			
1320	1325	1330	
gga acg gtc ctt gat caa gca gag aca gcc ggg gtc aga cta act gtg			4387
Gly Thr Val Leu Asp Gln Ala Glu Thr Ala Gly Val Arg Leu Thr Val			
1335	1340	1345	
ctg gct acg gcc aca ccc ccc ggg tca gtg aca acc ccc cat ccc gat			4435
Leu Ala Thr Ala Thr Pro Pro Gly Ser Val Thr Thr Pro His Pro Asp			
1350	1355	1360	1365
ata gaa gag gta ggc ctc ggg cgg gag ggt gag atc ccc ttc tat ggg			4483
Ile Glu Glu Val Gly Leu Gly Arg Glu Gly Glu Ile Pro Phe Tyr Gly			
1370	1375	1380	
agg gcg att ccc cta tcc tgc atc aag gga ggg aga cac ctg att ttc			4531
Arg Ala Ile Pro Leu Ser Cys Ile Lys Gly Gly Arg His Leu Ile Phe			
1385	1390	1395	
tgc cac tca aag aaa aag tgt gac gag ctc gcg gcg gcc ctt cgg ggc			4579
Cys His Ser Lys Lys Lys Cys Asp Glu Leu Ala Ala Ala Leu Arg Gly			
1400	1405	1410	
atg ggc ttg aat gcc gtg gca tac tat aga ggg ttg gac gtc tcc ata			4627
Met Gly Leu Asn Ala Val Ala Tyr Tyr Arg Gly Leu Asp Val Ser Ile			
1415	1420	1425	
ata cca gct cag gga gat gtg gtg gtc gtc gcc acc gac gcc ctc atg			4675
Ile Pro Ala Gln Gly Asp Val Val Val Val Ala Thr Asp Ala Leu Met			
1430	1435	1440	1445

acg ggg tac act gga gac ttt gac tcc gtg atc gac tgc aat gta gcg Thr Gly Tyr Thr Gly Asp Phe Asp Ser Val Ile Asp Cys Asn Val Ala 1450 1455 1460	4723
gtc acc caa gct gtc gac ttc agc ctg gac ccc acc ttc act ata acc Val Thr Gln Ala Val Asp Phe Ser Leu Asp Pro Thr Phe Thr Ile Thr 1465 1470 1475	4771
aca cag act gtc cca caa gac gct gtc tca cgc agt cag cgc cgc ggg Thr Gln Thr Val Pro Gln Asp Ala Val Ser Arg Ser Gln Arg Arg Gly 1480 1485 1490	4819
cgc aca ggt aga gga aga cag ggc act tat agg tat gtt tcc act ggt Arg Thr Gly Arg Gly Arg Gln Gly Thr Tyr Arg Tyr Val Ser Thr Gly 1495 1500 1505	4867
gaa cga gcc tca gga atg ttt gac agt gta gtg ctt tgt gag tgc tac Glu Arg Ala Ser Gly Met Phe Asp Ser Val Val Leu Cys Glu Cys Tyr 1510 1515 1520 1525	4915
gac gca ggg gct gcg tgg tac gat ctc aca cca gcg gag acc acc gtc Asp Ala Gly Ala Ala Trp Tyr Asp Leu Thr Pro Ala Glu Thr Thr Val 1530 1535 1540	4963
agg ctt aga gcg tat ttc aac acg ccc ggc cta ccc gtg tgt caa gac Arg Leu Arg Ala Tyr Phe Asn Thr Pro Gly Leu Pro Val Cys Gln Asp 1545 1550 1555	5011
cat ctt gaa ttt tgg gag gca gtt ttc acc ggc ctc aca cac ata gac His Leu Glu Phe Trp Glu Ala Val Phe Thr Gly Leu Thr His Ile Asp 1560 1565 1570	5059
gcc cac ttc ctc tcc caa aca aag caa gcg ggg gag aac ttc gcg tac Ala His Phe Leu Ser Gln Thr Lys Gln Ala Gly Glu Asn Phe Ala Tyr 1575 1580 1585	5107
cta gta gcc tac caa gct acg gtg tgc gcc aga gcc aag gcc cct ccc Leu Val Ala Tyr Gln Ala Thr Val Cys Ala Arg Ala Lys Ala Pro Pro 1590 1595 1600 1605	5155
ccg tcc tgg gac gcc atg tgg aag tgc ctg gcc cga ctc aag cct acg Pro Ser Trp Asp Ala Met Trp Lys Cys Leu Ala Arg Leu Lys Pro Thr 1610 1615 1620	5203
ctt gcg ggc ccc aca cct ctc ctg tac cgt ttg ggc cct att acc aat Leu Ala Gly Pro Thr Pro Leu Leu Tyr Arg Leu Gly Pro Ile Thr Asn 1625 1630 1635	5251
gag gtc acc ctc aca cac cct ggg acg aag tac atc gcc aca tgc atg Glu Val Thr Leu Thr His Pro Gly Thr Lys Tyr Ile Ala Thr Cys Met	5299

1640	1645	1650	
caa gct gac ctt gag gtc atg acc agc acg tgg gtc cta gct gga gga Gln Ala Asp Leu Glu Val Met Thr Ser Thr Trp Val Leu Ala Gly Gly 1655 1660 1665			5347
gtc ctg gca gcc gtc gcc gca tat tgc ctg gcg act gga tgc gtt tcc Val Leu Ala Ala Val Ala Ala Tyr Cys Leu Ala Thr Gly Cys Val Ser 1670 1675 1680 1685			5395
atc atc ggc cgc ttg cac gtc aac cag cga gtc gtc gtt gcg ccg gat Ile Ile Gly Arg Leu His Val Asn Gln Arg Val Val Val Ala Pro Asp 1690 1695 1700			5443
aag gag gtc ctg tat gag gct ttt gat gag atg gag gaa tgc gcc tct Lys Glu Val Leu Tyr Glu Ala Phe Asp Glu Met Glu Glu Cys Ala Ser 1705 1710 1715			5491
agg gcg gct ctc atc gaa gag ggg cag cgg ata gcc gag atg ttg aag Arg Ala Ala Leu Ile Glu Glu Gly Gln Arg Ile Ala Glu Met Leu Lys 1720 1725 1730			5539
tcc aag atc caa ggc ttg ctg cag cag gcc tct aag cag gcc cag gac Ser Lys Ile Gln Gly Leu Leu Gln Gln Ala Ser Lys Gln Ala Gln Asp 1735 1740 1745			5587
ata caa ccc gct atg cag gct tca tgg ccc aaa gtg gaa caa ttt tgg Ile Gln Pro Ala Met Gln Ala Ser Trp Pro Lys Val Glu Gln Phe Trp 1750 1755 1760 1765			5635
gcc aga cac atg tgg aac ttc att agc ggc atc caa tac ctc gca gga Ala Arg His Met Trp Asn Phe Ile Ser Gly Ile Gln Tyr Leu Ala Gly 1770 1775 1780			5683
ttg tca aca ctg cca ggg aac ccc gcg gtg gct tcc atg atg gca ttc Leu Ser Thr Leu Pro Gly Asn Pro Ala Val Ala Ser Met Met Ala Phe 1785 1790 1795			5731
agt gcc gcc ctc acc agt ccg ttg tcg acc agt acc acc atc ctt ctc Ser Ala Ala Leu Thr Ser Pro Leu Ser Thr Ser Thr Thr Ile Leu Leu 1800 1805 1810			5779
aac atc atg gga ggc tgg tta gcg tcc cag atc gca cca ccc gcg ggg Asn Ile Met Gly Gly Trp Leu Ala Ser Gln Ile Ala Pro Pro Ala Gly 1815 1820 1825			5827
gcc acc ggc ttt gtc gtc agt ggc ctg gtg ggg gct gcc gtg ggc agc Ala Thr Gly Phe Val Val Ser Gly Leu Val Gly Ala Ala Val Gly Ser 1830 1835 1840 1845			5875

ata ggc ctg ggt aag gtg ctg gtg gac atc ctg gca gga tat ggt gcg 5923
 Ile Gly Leu Gly Lys Val Leu Val Asp Ile Leu Ala Gly Tyr Gly Ala
 1850 1855 1860

ggc att tcg ggg gcc ctc gtc gca ttc aag atc atg tct ggc gag aag 5971
 Gly Ile Ser Gly Ala Leu Val Ala Phe Lys Ile Met Ser Gly Glu Lys
 1865 1870 1875

ccc tct atg gaa gat gtc atc aat cta ctg cct ggg atc ctg tct ccg 6019
 Pro Ser Met Glu Asp Val Ile Asn Leu Leu Pro Gly Ile Leu Ser Pro
 1880 1885 1890

gga gcc ctg gtg gtg ggg gtc atc tgc gcg gcc att ctg cgc cgc cac 6067
 Gly Ala Leu Val Val Gly Val Ile Cys Ala Ala Ile Leu Arg Arg His
 1895 1900 1905

gtg gga ccg ggg gag ggc gcg gtc caa tgg atg aac agg ctt att gcc 6115
 Val Gly Pro Gly Glu Gly Ala Val Gln Trp Met Asn Arg Leu Ile Ala
 1910 1915 1920 1925

ttt gct tcc aga gga aac cac gtc gcc cct act cac tac gtg acg gag 6163
 Phe Ala Ser Arg Gly Asn His Val Ala Pro Thr His Tyr Val Thr Glu
 1930 1935 1940

tcg gat gcg tcg cag cgt gtg acc caa cta ctt ggc tct ctt act ata 6211
 Ser Asp Ala Ser Gln Arg Val Thr Gln Leu Leu Gly Ser Leu Thr Ile
 1945 1950 1955

acc agc cta ctc aga aga ctc cac aat tgg ata act gag gac tgc ccc 6259
 Thr Ser Leu Leu Arg Arg Leu His Asn Trp Ile Thr Glu Asp Cys Pro
 1960 1965 1970

atc cca tgc tcc gga tcc tgg ctc cgc gac gtg tgg gac tgg gtt tgc 6307
 Ile Pro Cys Ser Gly Ser Trp Leu Arg Asp Val Trp Asp Trp Val Cys
 1975 1980 1985

acc atc ttg aca gac ttc aaa aat tgg ctg acc tct aaa ttg ttc ccc 6355
 Thr Ile Leu Thr Asp Phe Lys Asn Trp Leu Thr Ser Lys Leu Phe Pro
 1990 1995 2000 2005

aag ctg ccc ggc ctc ccc ttc atc tct tgt caa aag ggg tac aag ggt 6403
 Lys Leu Pro Gly Leu Pro Phe Ile Ser Cys Gln Lys Gly Tyr Lys Gly
 2010 2015 2020

gtg tgg gcc ggc act ggc atc atg acc acg cgc tgc cct tgc ggc gcc 6451
 Val Trp Ala Gly Thr Gly Ile Met Thr Thr Arg Cys Pro Cys Gly Ala
 2025 2030 2035

aac atc tct ggc aat gtc cgc ctg ggc tct atg agg atc aca ggg cct 6499
 Asn Ile Ser Gly Asn Val Arg Leu Gly Ser Met Arg Ile Thr Gly Pro

2040	2045	2050	
aaa acc tgc atg aac acc tgg cag ggg acc ttt cct atc aat tgc tac Lys Thr Cys Met Asn Thr Trp Gln Gly Thr Phe Pro Ile Asn Cys Tyr 2055	2060	2065	6547
acg gag ggc cag tgc gcg ccg aaa ccc ccc acg aac tac aag acc gcc Thr Glu Gly Gln Cys Ala Pro Lys Pro Pro Thr Asn Tyr Lys Thr Ala 2070	2075	2080	6595
atc tgg agg gtg gcg gcc tcg gag tac gcg gag gtg acg cag cat ggg Ile Trp Arg Val Ala Ala Ser Glu Tyr Ala Glu Val Thr Gln His Gly 2090	2095	2100	6643
tcg tac tcc tat gta aca gga ctg acc act gac aat ctg aaa att cct Ser Tyr Ser Tyr Val Thr Gly Leu Thr Thr Asp Asn Leu Lys Ile Pro 2105	2110	2115	6691
tgc caa cta cct tct cca gag ttt ttc tcc tgg gtg gac ggt gtg cag Cys Gln Leu Pro Ser Pro Glu Phe Phe Ser Trp Val Asp Gly Val Gln 2120	2125	2130	6739
atc cat agg ttt gca ccc aca cca aag ccg ttt ttc cgg gat gag gtc Ile His Arg Phe Ala Pro Thr Pro Lys Pro Phe Phe Arg Asp Glu Val 2135	2140	2145	6787
tcg ttc tgc gtt ggg ctt aat tcc tat gct gtc ggg tcc cag ctt ccc Ser Phe Cys Val Gly Leu Asn Ser Tyr Ala Val Gly Ser Gln Leu Pro 2150	2155	2160	6835
tgt gaa cct gag ccc gac gca gac gta ttg agg tcc atg cta aca gat Cys Glu Pro Glu Pro Asp Ala Asp Val Leu Arg Ser Met Leu Thr Asp 2170	2175	2180	6883
ccg ccc cac atc acg gcg gag act gcg gcg ccg cgc ttg gca cgg gga Pro Pro His Ile Thr Ala Glu Thr Ala Ala Arg Arg Leu Ala Arg Gly 2185	2190	2195	6931
tca cct cca tct gag gcg agc tcc tca gtg agc cag cta tca gca ccg Ser Pro Pro Ser Glu Ala Ser Ser Ser Val Ser Gln Leu Ser Ala Pro 2200	2205	2210	6979
tcg ctg cgg gcc acc tgc acc acc cac agc aac acc tat gac gtg gac Ser Leu Arg Ala Thr Cys Thr Thr His Ser Asn Thr Tyr Asp Val Asp 2215	2220	2225	7027
atg gtc gat gcc aac ctg ctc atg gag ggc ggt gtg gct cag aca gag Met Val Asp Ala Asn Leu Leu Met Glu Gly Gly Val Ala Gln Thr Glu 2230	2235	2240	7075
		2245	

cct gag tcc agg gtg ccc gtt ctg gac ttt ctc gag cca atg gcc gag Pro Glu Ser Arg Val Pro Val Leu Asp Phe Leu Glu Pro Met Ala Glu 2250 2255 2260	7123
gaa gag agc gac ctt gag ccc tca ata cca tcg gag tgc atg ctc ccc Glu Glu Ser Asp Leu Glu Pro Ser Ile Pro Ser Glu Cys Met Leu Pro 2265 2270 2275	7171
agg agc ggg ttt cca cgg gcc tta ccg gct tgg gca cgg cct gac tac Arg Ser Gly Phe Pro Arg Ala Leu Pro Ala Trp Ala Arg Pro Asp Tyr 2280 2285 2290	7219
aac ccg ccg ctc gtg gaa tcg tgg agg agg cca gat tac caa ccg ccc Asn Pro Pro Leu Val Glu Ser Trp Arg Arg Pro Asp Tyr Gln Pro Pro 2295 2300 2305	7267
acc gtt gct ggt tgt gct ctc ccc ccc ccc aag aag gcc ccg acg cct Thr Val Ala Gly Cys Ala Leu Pro Pro Pro Lys Lys Ala Pro Thr Pro 2310 2315 2320 2325	7315
ccc cca agg aga cgc cgg aca gtg ggt ctg agc gag agc acc ata tca Pro Pro Arg Arg Arg Arg Thr Val Gly Leu Ser Glu Ser Thr Ile Ser 2330 2335 2340	7363
gaa gcc ctc cag caa ctg gcc atc aag acc ttt ggc cag ccc ccc tcg Glu Ala Leu Gln Gln Leu Ala Ile Lys Thr Phe Gly Gln Pro Pro Ser 2345 2350 2355	7411
agc ggt gat gca ggc tcg tcc acg ggg gcg ggc gcc gcc gaa tcc ggc Ser Gly Asp Ala Gly Ser Ser Thr Gly Ala Gly Ala Ala Glu Ser Gly 2360 2365 2370	7459
ggt ccg acg tcc cct ggt gag ccg gcc ccc tca gag aca ggt tcc gcc Gly Pro Thr Ser Pro Gly Glu Pro Ala Pro Ser Glu Thr Gly Ser Ala 2375 2380 2385	7507
tcc tct atg ccc ccc ctc gag ggg gag cct gga gat ccg gac ctg gag Ser Ser Met Pro Pro Leu Glu Gly Glu Pro Gly Asp Pro Asp Leu Glu 2390 2395 2400 2405	7555
tct gat cag gta gag ctt caa cct ccc ccc cag ggg ggg ggg gta gct Ser Asp Gln Val Glu Leu Gln Pro Pro Pro Gln Gly Gly Gly Val Ala 2410 2415 2420	7603
ccc ggt tcg ggc tcg ggg tct tgg tct act tgc tcc gag gag gac gat Pro Gly Ser Gly Ser Gly Ser Trp Ser Thr Cys Ser Glu Glu Asp Asp 2425 2430 2435	7651
acc acc gtg tgc tgc tcc atg tca tac tcc tgg acc ggg gct cta ata Thr Thr Val Cys Cys Ser Met Ser Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Leu Ile	7699

2440	2445	2450	
act ccc tgt agc ccc gaa gag gaa aag ttg cca atc aac cct ttg agt			7747
Thr Pro Cys Ser Pro Glu Glu Glu Lys Leu Pro Ile Asn Pro Leu Ser			
2455	2460	2465	
aac tcg ctg ttg cga tac cat aac aag gtg tac tgt aca aca tca aag			7795
Asn Ser Leu Leu Arg Tyr His Asn Lys Val Tyr Cys Thr Thr Ser Lys			
2470	2475	2480	2485
agc gcc tca cag agg gct aaa aag gta act ttt gac agg acg caa gtg			7843
Ser Ala Ser Gln Arg Ala Lys Lys Val Thr Phe Asp Arg Thr Gln Val			
2490	2495	2500	
ctc gac gcc cat tat gac tca gtc tta aag gac atc aag cta gcg gct			7891
Leu Asp Ala His Tyr Asp Ser Val Leu Lys Asp Ile Lys Leu Ala Ala			
2505	2510	2515	
tcc aag gtc agc gca agg ctc ctc acc ttg gag gag gcg tgc cag ttg			7939
Ser Lys Val Ser Ala Arg Leu Leu Thr Leu Glu Glu Ala Cys Gln Leu			
2520	2525	2530	
act cca ccc cat tct gca aga tcc aag tat gga ttc ggg gcc aag gag			7987
Thr Pro Pro His Ser Ala Arg Ser Lys Tyr Gly Phe Gly Ala Lys Glu			
2535	2540	2545	
gtc cgc agc ttg tcc ggg agg gcc gtt aac cac atc aag tcc gtg tgg			8035
Val Arg Ser Leu Ser Gly Arg Ala Val Asn His Ile Lys Ser Val Trp			
2550	2555	2560	2565
aag gac ctc ctg gaa gac cca caa aca cca att ccc aca acc atc atg			8083
Lys Asp Leu Leu Glu Asp Pro Gln Thr Pro Ile Pro Thr Thr Ile Met			
2570	2575	2580	
gcc aaa aat gag gtg ttc tgc gtg gac ccc gcc aag ggg ggt aag aaa			8131
Ala Lys Asn Glu Val Phe Cys Val Asp Pro Ala Lys Gly Gly Lys Lys			
2585	2590	2595	
cca gct cgc ctc atc gtt tac cct gac ctc ggc gtc cgg gtc tgc gag			8179
Pro Ala Arg Leu Ile Val Tyr Pro Asp Leu Gly Val Arg Val Cys Glu			
2600	2605	2610	
aaa atg gcc ctc tat gac att aca caa aag ctt cct cag gcg gta atg			8227
Lys Met Ala Leu Tyr Asp Ile Thr Gln Lys Leu Pro Gln Ala Val Met			
2615	2620	2625	
gga gct tcc tat ggc ttc cag tac tcc cct gcc caa cgg gtg gag tat			8275
Gly Ala Ser Tyr Gly Phe Gln Tyr Ser Pro Ala Gln Arg Val Glu Tyr			
2630	2635	2640	2645

ctc ttg aaa gca tgg gcg gaa aag aag gac ccc atg ggt ttt tcg tat 8323
 Leu Leu Lys Ala Trp Ala Glu Lys Lys Asp Pro Met Gly Phe Ser Tyr
 2650 2655 2660

gat acc cga tgc ttc gac tca acc gtc act gag aga gac atc agg acc 8371
 Asp Thr Arg Cys Phe Asp Ser Thr Val Thr Glu Arg Asp Ile Arg Thr
 2665 2670 2675

gag gag tcc ata tac cag gcc tgc tcc ctg ccc gag gag gcc cgc act 8419
 Glu Glu Ser Ile Tyr Gln Ala Cys Ser Leu Pro Glu Glu Ala Arg Thr
 2680 2685 2690

gcc ata cac tcg ctg act gag aga ctt tac gta gga ggg ccc atg ttc 8467
 Ala Ile His Ser Leu Thr Glu Arg Leu Tyr Val Gly Gly Pro Met Phe
 2695 2700 2705

aac agc aag ggt caa acc tgc ggt tac aga cgt tgc cgc gcc agc ggg 8515
 Asn Ser Lys Gly Gln Thr Cys Gly Tyr Arg Arg Cys Arg Ala Ser Gly
 2710 2715 2720 2725

gtg cta acc act agc atg ggt aac acc atc aca tgc tat gtg aaa gcc 8563
 Val Leu Thr Thr Ser Met Gly Asn Thr Ile Thr Cys Tyr Val Lys Ala
 2730 2735 2740

cta gcg gcc tgc aag gct gcg ggg ata gtt gcg ccc aca atg ctg gta 8611
 Leu Ala Ala Cys Lys Ala Ala Gly Ile Val Ala Pro Thr Met Leu Val
 2745 2750 2755

tgc ggc gat gac cta gta gtc atc tca gaa agc cag ggg act gag gag 8659
 Cys Gly Asp Asp Leu Val Val Ile Ser Glu Ser Gln Gly Thr Glu Glu
 2760 2765 2770

gac gag cgg aac ctg aga gcc ttc acg gag gcc atg acc agg tac tct 8707
 Asp Glu Arg Asn Leu Arg Ala Phe Thr Glu Ala Met Thr Arg Tyr Ser
 2775 2780 2785

gcc cct cct ggt gat ccc ccc aga ccg gaa tat gac ctg gag cta ata 8755
 Ala Pro Pro Gly Asp Pro Pro Arg Pro Glu Tyr Asp Leu Glu Leu Ile
 2790 2795 2800 2805

aca tcc tgt tcc tca aat gtg tct gtg gcg ttg ggc ccg cgg ggc cgc 8803
 Thr Ser Cys Ser Ser Asn Val Ser Val Ala Leu Gly Pro Arg Gly Arg
 2810 2815 2820

cgc aga tac tac ctg acc aga gac cca acc act cca ctc gcc cgg gct 8851
 Arg Arg Tyr Tyr Leu Thr Arg Asp Pro Thr Thr Pro Leu Ala Arg Ala
 2825 2830 2835

gcc tgg gaa aca gtt aga cac tcc cct atc aat tca tgg ctg gga aac 8899
 Ala Trp Glu Thr Val Arg His Ser Pro Ile Asn Ser Trp Leu Gly Asn

2840	2845	2850	
atc atc cag tat gct cca acc ata tgg gtt cgc atg gtc cta atg aca Ile Ile Gln Tyr Ala Pro Thr Ile Trp Val Arg Met Val Leu Met Thr 2855 2860 2865			8947
cac ttc ttc tcc att ctc atg gtc caa gac acc ctg gac cag aac ctc His Phe Phe Ser Ile Leu Met Val Gln Asp Thr Leu Asp Gln Asn Leu 2870 2875 2880 2885			8995
aac ttt gag atg tat gga tca gta tac tcc gtg aat cct ttg gac ctt Asn Phe Glu Met Tyr Gly Ser Val Tyr Ser Val Asn Pro Leu Asp Leu 2890 2895 2900			9043
cca gcc ata att gag agg tta cac ggg ctt gac gcc ttt tct atg cac Pro Ala Ile Ile Glu Arg Leu His Gly Leu Asp Ala Phe Ser Met His 2905 2910 2915			9091
aca tac tct cac cac gaa ctg acg cgg gtg gct tca gcc ctc aga aaa Thr Tyr Ser His His Glu Leu Thr Arg Val Ala Ser Ala Leu Arg Lys 2920 2925 2930			9139
ctt ggg gcg cca ccc ctc agg gtg tgg aag agt cgg gct cgc gca gtc Leu Gly Ala Pro Pro Leu Arg Val Trp Lys Ser Arg Ala Arg Ala Val 2935 2940 2945			9187
agg gcg tcc ctc atc tcc cgt gga ggg aaa gcg gcc gtt tgc ggc cga Arg Ala Ser Leu Ile Ser Arg Gly Gly Lys Ala Ala Val Cys Gly Arg 2950 2955 2960 2965			9235
tat ctc ttc aat tgg gcg gtg aag acc aag ctc aaa ctc act cca ttg Tyr Leu Phe Asn Trp Ala Val Lys Thr Lys Leu Lys Leu Thr Pro Leu 2970 2975 2980			9283
ccg gag gcg cgc cta ctg gac tta tcc agt tgg ttc acc gtc ggc gcc Pro Glu Ala Arg Leu Leu Asp Leu Ser Ser Trp Phe Thr Val Gly Ala 2985 2990 2995			9331
ggc ggg ggc gac att ttt cac agc gtg tgc cgc gcc cga ccc cgc tca Gly Gly Gly Asp Ile Phe His Ser Val Ser Arg Ala Arg Pro Arg Ser 3000 3005 3010			9379
tta ctc ttc ggc cta ctc cta ctt ttc gta ggg gta ggc ctc ttc cta Leu Leu Phe Gly Leu Leu Leu Leu Phe Val Gly Val Gly Leu Phe Leu 3015 3020 3025			9427
ctc ccc gct cgg tag agcggcacac actaggtaca ctccatagct aactgttcct Leu Pro Ala Arg 3030			9482

tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt ttcttttttt tttttttccc 9542
 tctttcttcc cttctcatct tattctactt tctttcttgg tggctccatc ttagccctag 9602
 tcacggctag ctgtgaaagg tccgtgagcc gcatgactgc agagagtgcc gtaactggtc 9662
 tctctgcaga tcatgt 9678

<210> 4
 <211> 3033
 <212> PRT
 <213> Hepatitis C virus

<400> 4
 Met Ser Thr Asn Pro Lys Pro Gln Arg Lys Thr Lys Arg Asn Thr Asn
 1 5 10 15
 Arg Arg Pro Glu Asp Val Lys Phe Pro Gly Gly Gly Gln Ile Val Gly
 20 25 30
 Gly Val Tyr Leu Leu Pro Arg Arg Gly Pro Arg Leu Gly Val Arg Thr
 35 40 45
 Thr Arg Lys Thr Ser Glu Arg Ser Gln Pro Arg Gly Arg Arg Gln Pro
 50 55 60
 Ile Pro Lys Asp Arg Arg Ser Thr Gly Lys Ala Trp Gly Lys Pro Gly
 65 70 75 80
 Arg Pro Trp Pro Leu Tyr Gly Asn Glu Gly Leu Gly Trp Ala Gly Trp
 85 90 95
 Leu Leu Ser Pro Arg Gly Ser Arg Pro Ser Trp Gly Pro Thr Asp Pro
 100 105 110
 Arg His Arg Ser Arg Asn Val Gly Lys Val Ile Asp Thr Leu Thr Cys
 115 120 125
 Gly Phe Ala Asp Leu Met Gly Tyr Ile Pro Val Val Gly Ala Pro Leu
 130 135 140
 Ser Gly Ala Ala Arg Ala Val Ala His Gly Val Arg Val Leu Glu Asp
 145 150 155 160
 Gly Val Asn Tyr Ala Thr Gly Asn Leu Pro Gly Phe Pro Phe Ser Ile
 165 170 175
 Phe Leu Leu Ala Leu Leu Ser Cys Ile Thr Val Pro Val Ser Ala Ala
 180 185 190
 Gln Val Lys Asn Thr Ser Ser Ser Tyr Met Val Thr Asn Asp Cys Ser
 195 200 205
 Asn Asp Ser Ile Thr Trp Gln Leu Glu Ala Ala Val Leu His Val Pro
 210 215 220
 Gly Cys Val Pro Cys Glu Arg Val Gly Asn Thr Ser Arg Cys Trp Val
 225 230 235 240
 Pro Val Ser Pro Asn Met Ala Val Arg Gln Pro Gly Ala Leu Thr Gln
 245 250 255
 Gly Leu Arg Thr His Ile Asp Met Val Val Met Ser Ala Thr Phe Cys
 260 265 270
 Ser Ala Leu Tyr Val Gly Asp Leu Cys Gly Gly Val Met Leu Ala Ala

275					280					285					
Gln	Val	Phe	Ile	Val	Ser	Pro	Gln	Tyr	His	Trp	Phe	Val	Gln	Glu	Cys
290					295					300					
Asn	Cys	Ser	Ile	Tyr	Pro	Gly	Thr	Ile	Thr	Gly	His	Arg	Met	Ala	Trp
305	310					315					320				
Asp	Met	Met	Met	Asn	Trp	Ser	Pro	Thr	Ala	Thr	Met	Ile	Leu	Ala	Tyr
325					330					335					
Val	Met	Arg	Val	Pro	Glu	Val	Ile	Ile	Asp	Ile	Val	Ser	Gly	Ala	His
340					345					350					
Trp	Gly	Val	Met	Phe	Gly	Leu	Ala	Tyr	Phe	Ser	Met	Gln	Gly	Ala	Trp
355					360					365					
Ala	Lys	Val	Ile	Val	Ile	Leu	Leu	Leu	Ala	Ala	Gly	Val	Asp	Ala	Gly
370	375					380									
Thr	Thr	Thr	Val	Gly	Gly	Ala	Val	Ala	Arg	Ser	Thr	Asn	Val	Ile	Ala
385	390					395					400				
Gly	Val	Phe	Ser	His	Gly	Pro	Gln	Gln	Asn	Ile	Gln	Leu	Ile	Asn	Thr
405					410					415					
Asn	Gly	Ser	Trp	His	Ile	Asn	Arg	Thr	Ala	Leu	Asn	Cys	Asn	Asp	Ser
420					425					430					
Leu	Asn	Thr	Gly	Phe	Leu	Ala	Ala	Leu	Phe	Tyr	Thr	Asn	Arg	Phe	Asn
435					440					445					
Ser	Ser	Gly	Cys	Pro	Gly	Arg	Leu	Ser	Ala	Cys	Arg	Asn	Ile	Glu	Ala
450	455					460									
Phe	Arg	Ile	Gly	Trp	Gly	Thr	Leu	Gln	Tyr	Glu	Asp	Asn	Val	Thr	Asn
465	470					475					480				
Pro	Glu	Asp	Met	Arg	Pro	Tyr	Cys	Trp	His	Tyr	Pro	Pro	Lys	Pro	Cys
485					490					495					
Gly	Val	Val	Pro	Ala	Arg	Ser	Val	Cys	Gly	Pro	Val	Tyr	Cys	Phe	Thr
500					505					510					
Pro	Ser	Pro	Val	Val	Val	Gly	Thr	Thr	Asp	Arg	Arg	Gly	Val	Pro	Thr
515					520					525					
Tyr	Thr	Trp	Gly	Glu	Asn	Glu	Thr	Asp	Val	Phe	Leu	Leu	Asn	Ser	Thr
530	535					540									
Arg	Pro	Pro	Gln	Gly	Ser	Trp	Phe	Gly	Cys	Thr	Trp	Met	Asn	Ser	Thr
545	550					555					560				
Gly	Phe	Thr	Lys	Thr	Cys	Gly	Ala	Pro	Pro	Cys	Arg	Thr	Arg	Ala	Asp
565					570					575					
Phe	Asn	Ala	Ser	Thr	Asp	Leu	Leu	Cys	Pro	Thr	Asp	Cys	Phe	Arg	Lys
580					585					590					
His	Pro	Asp	Ala	Thr	Tyr	Ile	Lys	Cys	Gly	Ser	Gly	Pro	Trp	Leu	Thr
595					600					605					
Pro	Lys	Cys	Leu	Val	His	Tyr	Pro	Tyr	Arg	Leu	Trp	His	Tyr	Pro	Cys
610	615					620									
Thr	Val	Asn	Phe	Thr	Ile	Phe	Lys	Ile	Arg	Met	Tyr	Val	Gly	Gly	Val
625	630					635					640				
Glu	His	Arg	Leu	Thr	Ala	Ala	Cys	Asn	Phe	Thr	Arg	Gly	Asp	Arg	Cys
645					650					655					
Asp	Leu	Glu	Asp	Arg	Asp	Arg	Ser	Gln	Leu	Ser	Pro	Leu	Leu	His	Ser
660					665					670					
Thr	Thr	Glu	Trp	Ala	Ile	Leu	Pro	Cys	Thr	Tyr	Ser	Asp	Leu	Pro	Ala

675	680	685
Leu Ser Thr Gly Leu Leu His	Leu His Gln Asn Ile Val Asp Val Gln	
690	695	700
Tyr Met Tyr Gly Leu Ser Pro Ala Ile Thr Lys Tyr Val Val Arg Trp		
705	710	715
Glu Trp Val Val Leu Leu Phe Leu Leu Leu Ala Asp Ala Arg Val Cys		720
725	730	735
Ala Cys Leu Trp Met Leu Ile Leu Leu Gly Gln Ala Glu Ala Ala Leu		
740	745	750
Glu Lys Leu Val Val Leu His Ala Ala Ser Ala Ala Asn Cys His Gly		
755	760	765
Leu Leu Tyr Phe Ala Ile Phe Phe Val Ala Ala Trp His Ile Arg Gly		
770	775	780
Arg Val Val Pro Leu Thr Thr Tyr Cys Leu Thr Gly Leu Trp Pro Phe		
785	790	795
Cys Leu Leu Leu Met Ala Leu Pro Arg Gln Ala Tyr Ala Tyr Asp Ala		800
805	810	815
Pro Val His Gly Gln Ile Gly Val Gly Leu Leu Ile Leu Ile Thr Leu		
820	825	830
Phe Thr Leu Thr Pro Gly Tyr Lys Thr Leu Leu Gly Gln Cys Leu Trp		
835	840	845
Trp Leu Cys Tyr Leu Leu Thr Leu Gly Glu Ala Met Ile Gln Glu Trp		
850	855	860
Val Pro Pro Met Gln Val Arg Gly Gly Arg Asp Gly Ile Ala Trp Ala		
865	870	875
Val Thr Ile Phe Cys Pro Gly Val Val Phe Asp Ile Thr Lys Trp Leu		
885	890	895
Leu Ala Leu Leu Gly Pro Ala Tyr Leu Leu Arg Ala Ala Leu Thr His		
900	905	910
Val Pro Tyr Phe Val Arg Ala His Ala Leu Ile Arg Val Cys Ala Leu		
915	920	925
Val Lys Gln Leu Ala Gly Gly Arg Tyr Val Gln Val Ala Leu Leu Ala		
930	935	940
Leu Gly Arg Trp Thr Gly Thr Tyr Ile Tyr Asp His Leu Thr Pro Met		
945	950	955
Ser Asp Trp Ala Ala Ser Gly Leu Arg Asp Leu Ala Val Ala Val Glu		
965	970	975
Pro Ile Ile Phe Ser Pro Met Glu Lys Lys Val Ile Val Trp Gly Ala		
980	985	990
Glu Thr Ala Ala Cys Gly Asp Ile Leu His Gly Leu Pro Val Ser Ala		
995	1000	1005
Arg Leu Gly Gln Glu Ile Leu Leu Gly Pro Ala Asp Gly Tyr Thr Ser		
1010	1015	1020
Lys Gly Trp Lys Leu Leu Ala Pro Ile Thr Ala Tyr Ala Gln Gln Thr		
1025	1030	1035
Arg Gly Leu Leu Gly Ala Ile Val Val Ser Met Thr Gly Arg Asp Arg		
1045	1050	1055
Thr Glu Gln Ala Gly Glu Val Gln Ile Leu Ser Thr Val Ser Gln Ser		
1060	1065	1070
Phe Leu Gly Thr Thr Ile Ser Gly Val Leu Trp Thr Val Tyr His Gly		

1075	1080	1085
Ala Gly Asn Lys Thr Leu	Ala Gly Leu Arg Gly Pro Val Thr Gln Met	
1090	1095	1100
Tyr Ser Ser Ala Glu Gly Asp Leu Val Gly Trp Pro Ser Pro Pro Gly		
1105	1110	1115
Thr Lys Ser Leu Glu Pro Cys Lys Cys Gly Ala Val Asp Leu Tyr Leu		1120
1125	1130	1135
Val Thr Arg Asn Ala Asp Val Ile Pro Ala Arg Arg Arg Gly Asp Lys		
1140	1145	1150
Arg Gly Ala Leu Leu Ser Pro Arg Pro Ile Ser Thr Leu Lys Gly Ser		
1155	1160	1165
Ser Gly Gly Pro Val Leu Cys Pro Arg Gly His Val Val Gly Leu Phe		
1170	1175	1180
Arg Ala Ala Val Cys Ser Arg Gly Val Ala Lys Ser Ile Asp Phe Ile		
1185	1190	1195
Pro Val Glu Thr Leu Asp Val Val Thr Arg Ser Pro Thr Phe Ser Asp		1200
1205	1210	1215
Asn Ser Thr Pro Pro Ala Val Pro Gln Thr Tyr Gln Val Gly Tyr Leu		
1220	1225	1230
His Ala Pro Thr Gly Ser Gly Lys Ser Thr Lys Val Pro Val Ala Tyr		
1235	1240	1245
Ala Ala Gln Gly Tyr Lys Val Leu Val Leu Asn Pro Ser Val Ala Ala		
1250	1255	1260
Thr Leu Gly Phe Gly Ala Tyr Leu Ser Lys Ala His Gly Ile Asn Pro		
1265	1270	1275
Asn Ile Arg Thr Gly Val Arg Thr Val Met Thr Gly Glu Ala Ile Thr		
1285	1290	1295
Tyr Ser Thr Tyr Gly Lys Phe Leu Ala Asp Gly Gly Cys Ala Ser Gly		
1300	1305	1310
Ala Tyr Asp Ile Ile Ile Cys Asp Glu Cys His Ala Val Asp Ala Thr		
1315	1320	1325
Ser Ile Leu Gly Ile Gly Thr Val Leu Asp Gln Ala Glu Thr Ala Gly		
1330	1335	1340
Val Arg Leu Thr Val Leu Ala Thr Ala Thr Pro Pro Gly Ser Val Thr		
1345	1350	1355
Thr Pro His Pro Asp Ile Glu Glu Val Gly Leu Gly Arg Glu Gly Glu		1360
1365	1370	1375
Ile Pro Phe Tyr Gly Arg Ala Ile Pro Leu Ser Cys Ile Lys Gly Gly		
1380	1385	1390
Arg His Leu Ile Phe Cys His Ser Lys Lys Lys Cys Asp Glu Leu Ala		
1395	1400	1405
Ala Ala Leu Arg Gly Met Gly Leu Asn Ala Val Ala Tyr Tyr Arg Gly		
1410	1415	1420
Leu Asp Val Ser Ile Ile Pro Ala Gln Gly Asp Val Val Val Val Ala		
1425	1430	1435
Thr Asp Ala Leu Met Thr Gly Tyr Thr Gly Asp Phe Asp Ser Val Ile		1440
1445	1450	1455
Asp Cys Asn Val Ala Val Thr Gln Ala Val Asp Phe Ser Leu Asp Pro		
1460	1465	1470
Thr Phe Thr Ile Thr Thr Gln Thr Val Pro Gln Asp Ala Val Ser Arg		

1475	1480	1485
Ser Gln Arg Arg Gly Arg Thr Gly Arg Gly Arg Gln Gly Thr Tyr Arg		
1490	1495	1500
Tyr Val Ser Thr Gly Glu Arg Ala Ser Gly Met Phe Asp Ser Val Val		
1505	1510	1515
Leu Cys Glu Cys Tyr Asp Ala Gly Ala Ala Trp Tyr Asp Leu Thr Pro		1520
1525	1530	1535
Ala Glu Thr Thr Val Arg Leu Arg Ala Tyr Phe Asn Thr Pro Gly Leu		
1540	1545	1550
Pro Val Cys Gln Asp His Leu Glu Phe Trp Glu Ala Val Phe Thr Gly		
1555	1560	1565
Leu Thr His Ile Asp Ala His Phe Leu Ser Gln Thr Lys Gln Ala Gly		
1570	1575	1580
Glu Asn Phe Ala Tyr Leu Val Ala Tyr Gln Ala Thr Val Cys Ala Arg		
1585	1590	1595
Ala Lys Ala Pro Pro Pro Ser Trp Asp Ala Met Trp Lys Cys Leu Ala		1600
1605	1610	1615
Arg Leu Lys Pro Thr Leu Ala Gly Pro Thr Pro Leu Leu Tyr Arg Leu		
1620	1625	1630
Gly Pro Ile Thr Asn Glu Val Thr Leu Thr His Pro Gly Thr Lys Tyr		
1635	1640	1645
Ile Ala Thr Cys Met Gln Ala Asp Leu Glu Val Met Thr Ser Thr Trp		
1650	1655	1660
Val Leu Ala Gly Gly Val Leu Ala Ala Val Ala Ala Tyr Cys Leu Ala		
1665	1670	1675
Thr Gly Cys Val Ser Ile Ile Gly Arg Leu His Val Asn Gln Arg Val		
1685	1690	1695
Val Val Ala Pro Asp Lys Glu Val Leu Tyr Glu Ala Phe Asp Glu Met		
1700	1705	1710
Glu Glu Cys Ala Ser Arg Ala Ala Leu Ile Glu Glu Gly Gln Arg Ile		
1715	1720	1725
Ala Glu Met Leu Lys Ser Lys Ile Gln Gly Leu Leu Gln Gln Ala Ser		
1730	1735	1740
Lys Gln Ala Gln Asp Ile Gln Pro Ala Met Gln Ala Ser Trp Pro Lys		
1745	1750	1755
Val Glu Gln Phe Trp Ala Arg His Met Trp Asn Phe Ile Ser Gly Ile		1760
1765	1770	1775
Gln Tyr Leu Ala Gly Leu Ser Thr Leu Pro Gly Asn Pro Ala Val Ala		
1780	1785	1790
Ser Met Met Ala Phe Ser Ala Ala Leu Thr Ser Pro Leu Ser Thr Ser		
1795	1800	1805
Thr Thr Ile Leu Leu Asn Ile Met Gly Gly Trp Leu Ala Ser Gln Ile		
1810	1815	1820
Ala Pro Pro Ala Gly Ala Thr Gly Phe Val Val Ser Gly Leu Val Gly		
1825	1830	1835
Ala Ala Val Gly Ser Ile Gly Leu Gly Lys Val Leu Val Asp Ile Leu		
1845	1850	1855
Ala Gly Tyr Gly Ala Gly Ile Ser Gly Ala Leu Val Ala Phe Lys Ile		
1860	1865	1870
Met Ser Gly Glu Lys Pro Ser Met Glu Asp Val Ile Asn Leu Leu Pro		

1875	1880	1885
Gly Ile Leu Ser Pro Gly Ala Leu Val Val Gly Val Ile Cys Ala Ala		
1890	1895	1900
Ile Leu Arg Arg His Val Gly Pro Gly Glu Gly Ala Val Gln Trp Met		
1905	1910	1915
Asn Arg Leu Ile Ala Phe Ala Ser Arg Gly Asn His Val Ala Pro Thr		1920
	1925	1930
His Tyr Val Thr Glu Ser Asp Ala Ser Gln Arg Val Thr Gln Leu Leu		1935
	1940	1945
Gly Ser Leu Thr Ile Thr Ser Leu Leu Arg Arg Leu His Asn Trp Ile		1950
	1955	1960
Thr Glu Asp Cys Pro Ile Pro Cys Ser Gly Ser Trp Leu Arg Asp Val		1965
	1970	1975
Trp Asp Trp Val Cys Thr Ile Leu Thr Asp Phe Lys Asn Trp Leu Thr		1980
1985	1990	1995
Ser Lys Leu Phe Pro Lys Leu Pro Gly Leu Pro Phe Ile Ser Cys Gln		2000
	2005	2010
Lys Gly Tyr Lys Gly Val Trp Ala Gly Thr Gly Ile Met Thr Thr Arg		2015
	2020	2025
Cys Pro Cys Gly Ala Asn Ile Ser Gly Asn Val Arg Leu Gly Ser Met		2030
	2035	2040
Arg Ile Thr Gly Pro Lys Thr Cys Met Asn Thr Trp Gln Gly Thr Phe		2045
	2050	2055
Pro Ile Asn Cys Tyr Thr Glu Gly Gln Cys Ala Pro Lys Pro Pro Thr		2060
2065	2070	2075
Asn Tyr Lys Thr Ala Ile Trp Arg Val Ala Ala Ser Glu Tyr Ala Glu		2080
	2085	2090
Val Thr Gln His Gly Ser Tyr Ser Tyr Val Thr Gly Leu Thr Thr Asp		2095
	2100	2105
Asn Leu Lys Ile Pro Cys Gln Leu Pro Ser Pro Glu Phe Phe Ser Trp		2110
	2115	2120
Val Asp Gly Val Gln Ile His Arg Phe Ala Pro Thr Pro Lys Pro Phe		2125
	2130	2135
Phe Arg Asp Glu Val Ser Phe Cys Val Gly Leu Asn Ser Tyr Ala Val		2140
2145	2150	2155
Gly Ser Gln Leu Pro Cys Glu Pro Glu Pro Asp Ala Asp Val Leu Arg		2160
	2165	2170
Ser Met Leu Thr Asp Pro Pro His Ile Thr Ala Glu Thr Ala Ala Arg		2175
	2180	2185
Arg Leu Ala Arg Gly Ser Pro Pro Ser Glu Ala Ser Ser Val Ser		2190
	2195	2200
Gln Leu Ser Ala Pro Ser Leu Arg Ala Thr Cys Thr Thr His Ser Asn		2205
	2210	2215
Thr Tyr Asp Val Asp Met Val Asp Ala Asn Leu Leu Met Glu Gly Gly		2220
2225	2230	2235
Val Ala Gln Thr Glu Pro Glu Ser Arg Val Pro Val Leu Asp Phe Leu		2240
	2245	2250
Glu Pro Met Ala Glu Glu Glu Ser Asp Leu Glu Pro Ser Ile Pro Ser		2255
	2260	2265
Glu Cys Met Leu Pro Arg Ser Gly Phe Pro Arg Ala Leu Pro Ala Trp		2270

2275 2280 2285
 Ala Arg Pro Asp Tyr Asn Pro Pro Leu Val Glu Ser Trp Arg Arg Pro
 2290 2295 2300
 Asp Tyr Gln Pro Pro Thr Val Ala Gly Cys Ala Leu Pro Pro Pro Lys
 2305 2310 2315 2320
 Lys Ala Pro Thr Pro Pro Pro Arg Arg Arg Arg Thr Val Gly Leu Ser
 2325 2330 2335
 Glu Ser Thr Ile Ser Glu Ala Leu Gln Gln Leu Ala Ile Lys Thr Phe
 2340 2345 2350
 Gly Gln Pro Pro Ser Ser Gly Asp Ala Gly Ser Ser Thr Gly Ala Gly
 2355 2360 2365
 Ala Ala Glu Ser Gly Gly Pro Thr Ser Pro Gly Glu Pro Ala Pro Ser
 2370 2375 2380
 Glu Thr Gly Ser Ala Ser Ser Met Pro Pro Leu Glu Gly Glu Pro Gly
 2385 2390 2395 2400
 Asp Pro Asp Leu Glu Ser Asp Gln Val Glu Leu Gln Pro Pro Pro Gln
 2405 2410 2415
 Gly Gly Gly Val Ala Pro Gly Ser Gly Ser Gly Ser Trp Ser Thr Cys
 2420 2425 2430
 Ser Glu Glu Asp Asp Thr Thr Val Cys Cys Ser Met Ser Tyr Ser Trp
 2435 2440 2445
 Thr Gly Ala Leu Ile Thr Pro Cys Ser Pro Glu Glu Glu Lys Leu Pro
 2450 2455 2460
 Ile Asn Pro Leu Ser Asn Ser Leu Leu Arg Tyr His Asn Lys Val Tyr
 2465 2470 2475 2480
 Cys Thr Thr Ser Lys Ser Ala Ser Gln Arg Ala Lys Lys Val Thr Phe
 2485 2490 2495
 Asp Arg Thr Gln Val Leu Asp Ala His Tyr Asp Ser Val Leu Lys Asp
 2500 2505 2510
 Ile Lys Leu Ala Ala Ser Lys Val Ser Ala Arg Leu Leu Thr Leu Glu
 2515 2520 2525
 Glu Ala Cys Gln Leu Thr Pro Pro His Ser Ala Arg Ser Lys Tyr Gly
 2530 2535 2540
 Phe Gly Ala Lys Glu Val Arg Ser Leu Ser Gly Arg Ala Val Asn His
 2545 2550 2555 2560
 Ile Lys Ser Val Trp Lys Asp Leu Leu Glu Asp Pro Gln Thr Pro Ile
 2565 2570 2575
 Pro Thr Thr Ile Met Ala Lys Asn Glu Val Phe Cys Val Asp Pro Ala
 2580 2585 2590
 Lys Gly Gly Lys Lys Pro Ala Arg Leu Ile Val Tyr Pro Asp Leu Gly
 2595 2600 2605
 Val Arg Val Cys Glu Lys Met Ala Leu Tyr Asp Ile Thr Gln Lys Leu
 2610 2615 2620
 Pro Gln Ala Val Met Gly Ala Ser Tyr Gly Phe Gln Tyr Ser Pro Ala
 2625 2630 2635 2640
 Gln Arg Val Glu Tyr Leu Leu Lys Ala Trp Ala Glu Lys Lys Asp Pro
 2645 2650 2655
 Met Gly Phe Ser Tyr Asp Thr Arg Cys Phe Asp Ser Thr Val Thr Glu
 2660 2665 2670
 Arg Asp Ile Arg Thr Glu Glu Ser Ile Tyr Gln Ala Cys Ser Leu Pro

2675 2680 2685
 Glu Glu Ala Arg Thr Ala Ile His Ser Leu Thr Glu Arg Leu Tyr Val
 2690 2695 2700
 Gly Gly Pro Met Phe Asn Ser Lys Gly Gln Thr Cys Gly Tyr Arg Arg
 2705 2710 2715 2720
 Cys Arg Ala Ser Gly Val Leu Thr Thr Ser Met Gly Asn Thr Ile Thr
 2725 2730 2735
 Cys Tyr Val Lys Ala Leu Ala Ala Cys Lys Ala Ala Gly Ile Val Ala
 2740 2745 2750
 Pro Thr Met Leu Val Cys Gly Asp Asp Leu Val Val Ile Ser Glu Ser
 2755 2760 2765
 Gln Gly Thr Glu Glu Asp Glu Arg Asn Leu Arg Ala Phe Thr Glu Ala
 2770 2775 2780
 Met Thr Arg Tyr Ser Ala Pro Pro Gly Asp Pro Pro Arg Pro Glu Tyr
 2785 2790 2795 2800
 Asp Leu Glu Leu Ile Thr Ser Cys Ser Ser Asn Val Ser Val Ala Leu
 2805 2810 2815
 Gly Pro Arg Gly Arg Arg Arg Tyr Tyr Leu Thr Arg Asp Pro Thr Thr
 2820 2825 2830
 Pro Leu Ala Arg Ala Ala Trp Glu Thr Val Arg His Ser Pro Ile Asn
 2835 2840 2845
 Ser Trp Leu Gly Asn Ile Ile Gln Tyr Ala Pro Thr Ile Trp Val Arg
 2850 2855 2860
 Met Val Leu Met Thr His Phe Phe Ser Ile Leu Met Val Gln Asp Thr
 2865 2870 2875 2880
 Leu Asp Gln Asn Leu Asn Phe Glu Met Tyr Gly Ser Val Tyr Ser Val
 2885 2890 2895
 Asn Pro Leu Asp Leu Pro Ala Ile Ile Glu Arg Leu His Gly Leu Asp
 2900 2905 2910
 Ala Phe Ser Met His Thr Tyr Ser His His Glu Leu Thr Arg Val Ala
 2915 2920 2925
 Ser Ala Leu Arg Lys Leu Gly Ala Pro Pro Leu Arg Val Trp Lys Ser
 2930 2935 2940
 Arg Ala Arg Ala Val Arg Ala Ser Leu Ile Ser Arg Gly Gly Lys Ala
 2945 2950 2955 2960
 Ala Val Cys Gly Arg Tyr Leu Phe Asn Trp Ala Val Lys Thr Lys Leu
 2965 2970 2975
 Lys Leu Thr Pro Leu Pro Glu Ala Arg Leu Leu Asp Leu Ser Ser Trp
 2980 2985 2990
 Phe Thr Val Gly Ala Gly Gly Gly Asp Ile Phe His Ser Val Ser Arg
 2995 3000 3005
 Ala Arg Pro Arg Ser Leu Leu Phe Gly Leu Leu Leu Leu Phe Val Gly
 3010 3015 3020
 Val Gly Leu Phe Leu Leu Pro Ala Arg
 3025 3030

<210> 5
 <211> 9674
 <212> DNA

<213> Hepatitis C virus

<220>

<221> CDS

<222> (341)..(9442)

<400> 5

```

accgccccct aataggggcg acactccgcc atgaatcact cccctgtgag gaactactgt 60
cttcacgcag aaagcgtcta gccatggcgt tagtatgagt gtcgtacagc ctccaggccc 120
ccccctcccg ggagagccat agtggctctgc ggaaccgggtg agtacaccgg aattgccggg 180
aagactgggt cctttcttgg ataaaccac tctatgcccg gccatttggg cgtgcccccg 240
caagactgct agccgagtag cgttgggttg cgaaaggcct tgttggtactg cctgataggg 300
tgcttgcgag tgccccggga ggtctcgtag accgtgcacc atg agc aca aat ccc 355
                               Met Ser Thr Asn Pro
                               1           5

aaa cct caa aga aaa acc aaa aga aac act aac cgt cgc cca caa gac 403
Lys Pro Gln Arg Lys Thr Lys Arg Asn Thr Asn Arg Arg Pro Gln Asp
                               10           15           20

gtt aag ttt ccg ggc ggc ggc cag atc gtt ggc gga gta tac ttg ttg 451
Val Lys Phe Pro Gly Gly Gly Gln Ile Val Gly Gly Val Tyr Leu Leu
                               25           30           35

ccg cgc agg ggc ccc agg ttg ggt gtg cgc gcg aca agg aag gct tcg 499
Pro Arg Arg Gly Pro Arg Leu Gly Val Arg Ala Thr Arg Lys Ala Ser
                               40           45           50

gag cgg tcc cag cca cgt ggg agg cgc cag ccc atc ccc aaa cat cgg 547
Glu Arg Ser Gln Pro Arg Gly Arg Arg Gln Pro Ile Pro Lys His Arg
                               55           60           65

cgc tcc act ggc aag tcc tgg ggg aag cca gga tac ccc tgg ccc ctg 595
Arg Ser Thr Gly Lys Ser Trp Gly Lys Pro Gly Tyr Pro Trp Pro Leu
                               70           75           80           85

tat ggg aat gag ggc ctc ggt tgg gca gga tgg ctc ctg tcc cct cga 643
Tyr Gly Asn Glu Gly Leu Gly Trp Ala Gly Trp Leu Leu Ser Pro Arg
                               90           95           100

ggt tcc cgt ccc tca tgg ggc ccc aat gac ccc cgg cat agg tcg cgc 691
Gly Ser Arg Pro Ser Trp Gly Pro Asn Asp Pro Arg His Arg Ser Arg
                               105          110          115

aat gtg ggt aag gtc atc gat acc cta acg tgc ggc ttt gcc gac ctc 739

```

Asn Val Gly Lys Val Ile Asp Thr Leu Thr Cys Gly Phe Ala Asp Leu	
120 125 130	
ttg ggg tac gtc ccc gtc gta ggc gcc ccg ctt agt ggc gtt gcc agt	787
Leu Gly Tyr Val Pro Val Val Gly Ala Pro Leu Ser Gly Val Ala Ser	
135 140 145	
gct ctc gcg cac ggc gtg aga gtc ctg gag gac ggg gtt aat ttt gca	835
Ala Leu Ala His Gly Val Arg Val Leu Glu Asp Gly Val Asn Phe Ala	
150 155 160 165	
aca ggg aac tta cct ggt tgc tcc ttt tct atc ttc ttg ctg gcc cta	883
Thr Gly Asn Leu Pro Gly Cys Ser Phe Ser Ile Phe Leu Leu Ala Leu	
170 175 180	
ctg tcc tgc atc act act ccg gtc tct gct gtc caa gtg aag aac acc	931
Leu Ser Cys Ile Thr Thr Pro Val Ser Ala Val Gln Val Lys Asn Thr	
185 190 195	
agc aac gcc tat atg gcg act aac gac tgt tcc aat gac agc atc act	979
Ser Asn Ala Tyr Met Ala Thr Asn Asp Cys Ser Asn Asp Ser Ile Thr	
200 205 210	
tgg cag ctt gag gcc gca gtc ctc cat gtc ccc ggg tgc gtc ccg tgc	1027
Trp Gln Leu Glu Ala Ala Val Leu His Val Pro Gly Cys Val Pro Cys	
215 220 225	
gag aaa atg ggg aac aca tca cgg tgc tgg ata cca gtc tca cca aac	1075
Glu Lys Met Gly Asn Thr Ser Arg Cys Trp Ile Pro Val Ser Pro Asn	
230 235 240 245	
gtg gct gtg cgg cag cct ggc gcc ctc acg cgg ggc ttg cgg acg cac	1123
Val Ala Val Arg Gln Pro Gly Ala Leu Thr Arg Gly Leu Arg Thr His	
250 255 260	
atc gac atg gtc gtg ttg tcc gcc acg ctc tgc tcc gct ctc tac gtg	1171
Ile Asp Met Val Val Leu Ser Ala Thr Leu Cys Ser Ala Leu Tyr Val	
265 270 275	
ggg gac ctc tgt ggc ggg gtg atg ctc gcg tcc cag atg ttc att gtc	1219
Gly Asp Leu Cys Gly Gly Val Met Leu Ala Ser Gln Met Phe Ile Val	
280 285 290	
tcg ccg cag cac cac tgg ttc gtg cag gaa tgc aat tgc tcc atc tac	1267
Ser Pro Gln His His Trp Phe Val Gln Glu Cys Asn Cys Ser Ile Tyr	
295 300 305	
cct ggc gcc atc act ggg cac cgt atg gca tgg gac atg atg atg aac	1315
Pro Gly Ala Ile Thr Gly His Arg Met Ala Trp Asp Met Met Met Asn	
310 315 320 325	

tgg tcg ccc acg acc acc atg atc ctg gcg tac gtg atg cgc gtt ccc	1363
Trp Ser Pro Thr Thr Thr Met Ile Leu Ala Tyr Val Met Arg Val Pro	
330 335 340	
gag gtc atc ata gac atc att agc gga gct cac tgg ggc gtc atg ttt	1411
Glu Val Ile Ile Asp Ile Ile Ser Gly Ala His Trp Gly Val Met Phe	
345 350 355	
ggc ctg gcc tac ttc tct atg cag gga gcg tgg gcg aag gtc gtt gtc	1459
Gly Leu Ala Tyr Phe Ser Met Gln Gly Ala Trp Ala Lys Val Val Val	
360 365 370	
atc ctc ctg ctg gcc tct ggg gtg gac gcg tac acc acc acg act ggg	1507
Ile Leu Leu Leu Ala Ser Gly Val Asp Ala Tyr Thr Thr Thr Thr Gly	
375 380 385	
agc gct gct ggg cgc act acc agt agc ctg gcc agc gcc ttc tcc cct	1555
Ser Ala Ala Gly Arg Thr Thr Ser Ser Leu Ala Ser Ala Phe Ser Pro	
390 395 400 405	
ggc gct cgg cag aac att cag ctc att aat acc aat ggt agc tgg cac	1603
Gly Ala Arg Gln Asn Ile Gln Leu Ile Asn Thr Asn Gly Ser Trp His	
410 415 420	
atc aac cgc acc gcc ctg aat tgc aac gat tcc ttg cac acc ggc ttc	1651
Ile Asn Arg Thr Ala Leu Asn Cys Asn Asp Ser Leu His Thr Gly Phe	
425 430 435	
ttc acg gcc ctg ttc tac atc cat aag ttc aac tcg tcg gga tgt ccc	1699
Phe Thr Ala Leu Phe Tyr Ile His Lys Phe Asn Ser Ser Gly Cys Pro	
440 445 450	
gag cgc ctg tcc gcc tgt cgc aac atc gag gac ttc cgg ata gga tgg	1747
Glu Arg Leu Ser Ala Cys Arg Asn Ile Glu Asp Phe Arg Ile Gly Trp	
455 460 465	
ggc gcc ctg caa tac gac gac aat gtc acc aat cca gaa gat atg agg	1795
Gly Ala Leu Gln Tyr Asp Asp Asn Val Thr Asn Pro Glu Asp Met Arg	
470 475 480 485	
cca tat tgc tgg cac tac cca cca aaa cag tgt ggc gta gtc ccc gca	1843
Pro Tyr Cys Trp His Tyr Pro Pro Lys Gln Cys Gly Val Val Pro Ala	
490 495 500	
ggg acc gtg tgc ggc cca gtg tac tgt ttc acc cct agc ccg gtg gta	1891
Gly Thr Val Cys Gly Pro Val Tyr Cys Phe Thr Pro Ser Pro Val Val	
505 510 515	
gtg ggc acg acc gat aga ctt gga gtg cct act tac acg tgg gga gag	1939

Val Gly Thr Thr Asp Arg Leu Gly Val Pro Thr Tyr Thr Trp Gly Glu	
520 525 530	
aat gag aca gat gtc ttc cta ttg aac agc acc cga cca ccg tcg ggg	1987
Asn Glu Thr Asp Val Phe Leu Leu Asn Ser Thr Arg Pro Pro Ser Gly	
535 540 545	
tca tgg ttt ggc tgc acg tgg atg aac tcc act ggc ttc acc aag acc	2035
Ser Trp Phe Gly Cys Thr Trp Met Asn Ser Thr Gly Phe Thr Lys Thr	
550 555 560 565	
tgc ggc gca cca ccc tgc cgc act aga gct gac ttc aat acc agc aca	2083
Cys Gly Ala Pro Pro Cys Arg Thr Arg Ala Asp Phe Asn Thr Ser Thr	
570 575 580	
gat ctg ttg tgc ccc acg gac tgt ttt aga aaa cat cct gaa gcc act	2131
Asp Leu Leu Cys Pro Thr Asp Cys Phe Arg Lys His Pro Glu Ala Thr	
585 590 595	
tac atc aaa tgt ggt tcc ggg cct tgg ctc acg cca aag tgt ctg gtt	2179
Tyr Ile Lys Cys Gly Ser Gly Pro Trp Leu Thr Pro Lys Cys Leu Val	
600 605 610	
gac tac ccc tac agg ctc tgg cat tac cct tgc aca gtc aat tac tcc	2227
Asp Tyr Pro Tyr Arg Leu Trp His Tyr Pro Cys Thr Val Asn Tyr Ser	
615 620 625	
acc ttc aag atc agg atg tat gtg ggg gga gtt gag cac agg ctc atg	2275
Thr Phe Lys Ile Arg Met Tyr Val Gly Gly Val Glu His Arg Leu Met	
630 635 640 645	
gcc gcg tgc aat ttc act cgt ggg gat cgc tgc aac ttg gag gat agg	2323
Ala Ala Cys Asn Phe Thr Arg Gly Asp Arg Cys Asn Leu Glu Asp Arg	
650 655 660	
gac aga agt caa cag act cct ctg ttg cac tcc acc acg gaa tgg gcc	2371
Asp Arg Ser Gln Gln Thr Pro Leu Leu His Ser Thr Thr Glu Trp Ala	
665 670 675	
att ttg ccc tgc tct ttc tca gac ttg ccc gct ttg tcg act ggt ctt	2419
Ile Leu Pro Cys Ser Phe Ser Asp Leu Pro Ala Leu Ser Thr Gly Leu	
680 685 690	
ctc cac ctc cac caa aat atc gtg gac gta caa tat atg tat ggc ctg	2467
Leu His Leu His Gln Asn Ile Val Asp Val Gln Tyr Met Tyr Gly Leu	
695 700 705	
tca cct gcc ctc aca caa tat atc gtt cga tgg gag tgg gta gta ctc	2515
Ser Pro Ala Leu Thr Gln Tyr Ile Val Arg Trp Glu Trp Val Val Leu	
710 715 720 725	

tta ttc ctg ctc cta gcg gac gcc agg gtc tgc gcc tgc ttg tgg atg	2563
Leu Phe Leu Leu Leu Ala Asp Ala Arg Val Cys Ala Cys Leu Trp Met	
730 735 740	
ctc atc ttg ctg ggc caa gcc gaa gca gca ctg gag aag ctg gtc gtc	2611
Leu Ile Leu Leu Gly Gln Ala Glu Ala Ala Leu Glu Lys Leu Val Val	
745 750 755	
ttg cac gct gcg agc gca gct agc tgc aat ggc ttc ctg tat ttt gtc	2659
Leu His Ala Ala Ser Ala Ala Ser Cys Asn Gly Phe Leu Tyr Phe Val	
760 765 770	
atc ttt ctc gtg gct gct tgg cac atc aag ggt agg gtg gtc ccc ttg	2707
Ile Phe Leu Val Ala Ala Trp His Ile Lys Gly Arg Val Val Pro Leu	
775 780 785	
gct gct tat tcc ctt act ggc ctg tgg ccg ttc tgc cta ctg ctc cta	2755
Ala Ala Tyr Ser Leu Thr Gly Leu Trp Pro Phe Cys Leu Leu Leu Leu	
790 795 800 805	
gca ctg ccc cag cag gct tac gcc tat gat gca tct gtg cac gga cag	2803
Ala Leu Pro Gln Gln Ala Tyr Ala Tyr Asp Ala Ser Val His Gly Gln	
810 815 820	
gtg ggc gcg gct ttg cta gta ctg att acc ctc ttt aca ctc acc ccg	2851
Val Gly Ala Ala Leu Leu Val Leu Ile Thr Leu Phe Thr Leu Thr Pro	
825 830 835	
ggg tat aag acc ctt ctc agc cag tcc ctg tgg tgg ttg tgc tat ctc	2899
Gly Tyr Lys Thr Leu Leu Ser Gln Ser Leu Trp Trp Leu Cys Tyr Leu	
840 845 850	
ctg acc ctg gcg gaa acc atg gtc cag gag tgg gca cca tcc atg cag	2947
Leu Thr Leu Ala Glu Thr Met Val Gln Glu Trp Ala Pro Ser Met Gln	
855 860 865	
gcg cgc ggc ggc cgt gat ggc atc ata tgg gcc gcc acc ata ttt tgc	2995
Ala Arg Gly Gly Arg Asp Gly Ile Ile Trp Ala Ala Thr Ile Phe Cys	
870 875 880 885	
ccg ggc gta gtg ttt gac ata acc aag tgg ctc tta gcg gtg ctt ggg	3043
Pro Gly Val Val Phe Asp Ile Thr Lys Trp Leu Leu Ala Val Leu Gly	
890 895 900	
cct ggt tac ctc cta aga ggt gct ttg acg cgc gtg cca tat ttc gtc	3091
Pro Gly Tyr Leu Leu Arg Gly Ala Leu Thr Arg Val Pro Tyr Phe Val	
905 910 915	
aga gcc cac gct ctg ctg aga atg tgc act atg gtg agg cac ctc gcg	3139

Arg Ala His Ala Leu Leu Arg Met Cys Thr Met Val Arg His Leu Ala	
920 925 930	
ggg ggt agg tac gtc cag atg gcg cta tta gcc ctt ggc agg tgg act	3187
Gly Gly Arg Tyr Val Gln Met Ala Leu Leu Ala Leu Gly Arg Trp Thr	
935 940 945	
ggc act tac atc tat gac cac ctc acc cct atg tcg gat tgg gct gct	3235
Gly Thr Tyr Ile Tyr Asp His Leu Thr Pro Met Ser Asp Trp Ala Ala	
950 955 960 965	
agc ggc ctg cgg gac ttg gcg gtc gct gtg gag cct atc atc ttc agt	3283
Ser Gly Leu Arg Asp Leu Ala Val Ala Val Glu Pro Ile Ile Phe Ser	
970 975 980	
ccg atg gag aag aaa gtc atc gtt tgg gga gcg gag acg gct gcg tgc	3331
Pro Met Glu Lys Lys Val Ile Val Trp Gly Ala Glu Thr Ala Ala Cys	
985 990 995	
ggg gac atc ttg cac gga ctt ccc gtg tcc gcc cga ctc ggt cgg gag	3379
Gly Asp Ile Leu His Gly Leu Pro Val Ser Ala Arg Leu Gly Arg Glu	
1000 1005 1010	
atc ctc ctt ggc cca gct gat ggc tac acc tcc aag ggg tgg aag ctt	3427
Ile Leu Leu Gly Pro Ala Asp Gly Tyr Thr Ser Lys Gly Trp Lys Leu	
1015 1020 1025	
ctc gcc ccc atc acc gct tac gcc cag cag aca cga ggt ctc ttg ggc	3475
Leu Ala Pro Ile Thr Ala Tyr Ala Gln Gln Thr Arg Gly Leu Leu Gly	
1030 1035 1040 1045	
tct ata gtg gtg agc atg acg ggg cgt gac aag aca gaa cag gcc ggg	3523
Ser Ile Val Val Ser Met Thr Gly Arg Asp Lys Thr Glu Gln Ala Gly	
1050 1055 1060	
gag gtc caa gtc ctg tcc aca gtc act cag tcc ttc ctc gga aca tcc	3571
Glu Val Gln Val Leu Ser Thr Val Thr Gln Ser Phe Leu Gly Thr Ser	
1065 1070 1075	
att tcg ggg gtc tta tgg act gtt tac cac gga gct ggc aac aag aca	3619
Ile Ser Gly Val Leu Trp Thr Val Tyr His Gly Ala Gly Asn Lys Thr	
1080 1085 1090	
cta gcc ggc tcg cgg ggc ccg gtc acg cag atg tac tcg agc gcc gag	3667
Leu Ala Gly Ser Arg Gly Pro Val Thr Gln Met Tyr Ser Ser Ala Glu	
1095 1100 1105	
ggg gac ttg gtc ggg tgg ccc agc cct cct ggg acc aaa tct ttg gag	3715
Gly Asp Leu Val Gly Trp Pro Ser Pro Pro Gly Thr Lys Ser Leu Glu	
1110 1115 1120 1125	

ccg tgt acg tgt gga gcg gtc gac ctg tat ttg gtc acg cgg aac gct	3763
Pro Cys Thr Cys Gly Ala Val Asp Leu Tyr Leu Val Thr Arg Asn Ala	
1130 1135 1140	
gat gtc atc ccg gct cga aga cgc ggg gac aag cgg gga gcg ctg ctc	3811
Asp Val Ile Pro Ala Arg Arg Arg Gly Asp Lys Arg Gly Ala Leu Leu	
1145 1150 1155	
tcc ccg aga ccc ctt tcg acc ttg aag ggg tcc tcg ggg gga cct gtg	3859
Ser Pro Arg Pro Leu Ser Thr Leu Lys Gly Ser Ser Gly Gly Pro Val	
1160 1165 1170	
ctt tgc cct agg ggc cac gct gtc gga atc ttc cgg gca gct gtg tgc	3907
Leu Cys Pro Arg Gly His Ala Val Gly Ile Phe Arg Ala Ala Val Cys	
1175 1180 1185	
tct cgg ggt gtg gct aag tcc ata gat ttc atc ccc gtt gag acg ctc	3955
Ser Arg Gly Val Ala Lys Ser Ile Asp Phe Ile Pro Val Glu Thr Leu	
1190 1195 1200 1205	
gac atc gtc acg cgg tct ccc acc ttt agt gac aac agc aca cca cca	4003
Asp Ile Val Thr Arg Ser Pro Thr Phe Ser Asp Asn Ser Thr Pro Pro	
1210 1215 1220	
gct gtg ccc cag acc tat cag gtg ggg tac ttg cac gcc ccc act ggc	4051
Ala Val Pro Gln Thr Tyr Gln Val Gly Tyr Leu His Ala Pro Thr Gly	
1225 1230 1235	
agt gga aaa agc acc aag gtc ccc gtc gcg tac gcc gcc cag ggg tat	4099
Ser Gly Lys Ser Thr Lys Val Pro Val Ala Tyr Ala Ala Gln Gly Tyr	
1240 1245 1250	
aaa gtg ctg gtg ctc aat ccc tcg gtg gct gcc acc ctg gga ttt ggg	4147
Lys Val Leu Val Leu Asn Pro Ser Val Ala Ala Thr Leu Gly Phe Gly	
1255 1260 1265	
gcg tac ttg tcc aag gca cat ggc atc aac ccc aac att agg act gga	4195
Ala Tyr Leu Ser Lys Ala His Gly Ile Asn Pro Asn Ile Arg Thr Gly	
1270 1275 1280 1285	
gtc aga act gtg acg acc ggg gag ccc att aca tac tcc acg tat ggt	4243
Val Arg Thr Val Thr Thr Gly Glu Pro Ile Thr Tyr Ser Thr Tyr Gly	
1290 1295 1300	
aaa ttc ctc gcc gat ggg ggc tgc gca ggc ggc gcc tat gac atc atc	4291
Lys Phe Leu Ala Asp Gly Gly Cys Ala Gly Gly Ala Tyr Asp Ile Ile	
1305 1310 1315	
ata tgc gat gaa tgc cac tct gtg gat gct acc act att ctc ggc atc	4339

Ile Cys Asp Glu Cys His Ser Val Asp Ala Thr Thr Ile Leu Gly Ile 1320 1325 1330	
ggg aca gtc ctt gac caa gca gag aca gcc ggg gtc agg cta act gta Gly Thr Val Leu Asp Gln Ala Glu Thr Ala Gly Val Arg Leu Thr Val 1335 1340 1345	4387
ctg gcc acg gcc acg ccc ccc ggg tcg gtg aca acc ccc cat ccc aat Leu Ala Thr Ala Thr Pro Pro Gly Ser Val Thr Thr Pro His Pro Asn 1350 1355 1360 1365	4435
ata gag gag gta gcc ctc gga cag gag ggt gag atc ccc ttc tat ggg Ile Glu Glu Val Ala Leu Gly Gln Glu Gly Glu Ile Pro Phe Tyr Gly 1370 1375 1380	4483
agg gcg ttt ccc ctg tct tac atc aag gga ggg agg cac ttg att ttc Arg Ala Phe Pro Leu Ser Tyr Ile Lys Gly Gly Arg His Leu Ile Phe 1385 1390 1395	4531
tgc cac tca aag aaa aag tgt gac gag ctc gca acg gcc ctt cgg ggc Cys His Ser Lys Lys Lys Cys Asp Glu Leu Ala Thr Ala Leu Arg Gly 1400 1405 1410	4579
atg ggc ttg aac gct gtg gca tat tac aga ggg ttg gac gtc tcc ata Met Gly Leu Asn Ala Val Ala Tyr Tyr Arg Gly Leu Asp Val Ser Ile 1415 1420 1425	4627
ata cca act caa gga gat gtg gtg gtc gtt gcc acc gac gcc ctc atg Ile Pro Thr Gln Gly Asp Val Val Val Val Ala Thr Asp Ala Leu Met 1430 1435 1440 1445	4675
acg ggg tat act gga gac ttt gac tcc gtg atc gac tgc aac gta gcg Thr Gly Tyr Thr Gly Asp Phe Asp Ser Val Ile Asp Cys Asn Val Ala 1450 1455 1460	4723
gtc acc cag gcc gta gac ttc agc ctg gac ccc acc ttc act ata acc Val Thr Gln Ala Val Asp Phe Ser Leu Asp Pro Thr Phe Thr Ile Thr 1465 1470 1475	4771
aca cag act gtc ccg caa gac gct gtc tca cgt agt cag cgc cga ggg Thr Gln Thr Val Pro Gln Asp Ala Val Ser Arg Ser Gln Arg Arg Gly 1480 1485 1490	4819
cgc acg ggt aga gga aga ctg ggc att tat agg tat gtt tcc act ggt Arg Thr Gly Arg Gly Arg Leu Gly Ile Tyr Arg Tyr Val Ser Thr Gly 1495 1500 1505	4867
gag cga gcc tca gga atg ttt gac agt gta gta ctc tgt gag tgc tac Glu Arg Ala Ser Gly Met Phe Asp Ser Val Val Leu Cys Glu Cys Tyr 1510 1515 1520 1525	4915

gac gca gga gct gct tgg tat gag ctc tca cca gtg gag acg acc gtc Asp Ala Gly Ala Ala Trp Tyr Glu Leu Ser Pro Val Glu Thr Thr Val 1530 1535 1540	4963
agg ctc agg gcg tat ttc aac acg cct ggc ttg cct gtg tgc cag gac Arg Leu Arg Ala Tyr Phe Asn Thr Pro Gly Leu Pro Val Cys Gln Asp 1545 1550 1555	5011
cac ctt gag ttt tgg gag gca gtt ttc acc ggc ctc aca cac ata gac His Leu Glu Phe Trp Glu Ala Val Phe Thr Gly Leu Thr His Ile Asp 1560 1565 1570	5059
gct cat ttc ctt tcc cag aca aag cag tcg ggg gaa aat ttc gca tac Ala His Phe Leu Ser Gln Thr Lys Gln Ser Gly Glu Asn Phe Ala Tyr 1575 1580 1585	5107
tta gta gcc tat cag gcc aca gtg tgc gcc agg gcc aaa gcg ccc ccc Leu Val Ala Tyr Gln Ala Thr Val Cys Ala Arg Ala Lys Ala Pro Pro 1590 1595 1600 1605	5155
ccg tcc tgg gac gtc atg tgg aag tgc ttg act cga ctc aag ccc acg Pro Ser Trp Asp Val Met Trp Lys Cys Leu Thr Arg Leu Lys Pro Thr 1610 1615 1620	5203
ctt gtg ggc cct aca cct ctc ctg tac cgt ttg ggc tct gtt acc aac Leu Val Gly Pro Thr Pro Leu Leu Tyr Arg Leu Gly Ser Val Thr Asn 1625 1630 1635	5251
gag gtc acc ctt aca cac ccc gtg aca aaa tac atc gcc aca tgc atg Glu Val Thr Leu Thr His Pro Val Thr Lys Tyr Ile Ala Thr Cys Met 1640 1645 1650	5299
caa gct gac ctc gag gtc atg acc agc acg tgg gtc ctg gct ggg gga Gln Ala Asp Leu Glu Val Met Thr Ser Thr Trp Val Leu Ala Gly Gly 1655 1660 1665	5347
gtc tta gca gcc gtc gcc gcg tat tgc tta gcg acc ggg tgt gtt tcc Val Leu Ala Ala Val Ala Ala Tyr Cys Leu Ala Thr Gly Cys Val Ser 1670 1675 1680 1685	5395
atc att ggc cgt tta cac atc aac cag cga gct gtc gtc gct ccg gac Ile Ile Gly Arg Leu His Ile Asn Gln Arg Ala Val Val Ala Pro Asp 1690 1695 1700	5443
aag gag gtc ctc tat gag gct ttt gat gag atg gag gaa tgt gcc tcc Lys Glu Val Leu Tyr Glu Ala Phe Asp Glu Met Glu Glu Cys Ala Ser 1705 1710 1715	5491
aga gcg gct ctc ctt gaa gag ggg cag cgg ata gcc gag atg ctg aag	5539

Arg Ala Ala Leu Leu Glu Glu Gly Gln Arg Ile Ala Glu Met Leu Lys 1720	1725	1730	
tcc aag atc caa ggc tta ttg cag caa gcc tct aaa cag gcc cag gac Ser Lys Ile Gln Gly Leu Leu Gln Gln Ala Ser Lys Gln Ala Gln Asp 1735	1740	1745	5587
ata caa ccc gct gtg caa gct tcg tgg ccc aag atg gag caa ttc tgg Ile Gln Pro Ala Val Gln Ala Ser Trp Pro Lys Met Glu Gln Phe Trp 1750	1755	1760	5635
gcc aaa cat atg tgg aac ttc ata agc ggc att cag tac ctc gca gga Ala Lys His Met Trp Asn Phe Ile Ser Gly Ile Gln Tyr Leu Ala Gly 1770	1775	1780	5683
ctg tca aca ctg cca ggg aac cct gct gtg gct tcc atg atg gca ttc Leu Ser Thr Leu Pro Gly Asn Pro Ala Val Ala Ser Met Met Ala Phe 1785	1790	1795	5731
agc gcc gcc ctc acc agt ccg ttg tca act agc acc acc atc ctt ctt Ser Ala Ala Leu Thr Ser Pro Leu Ser Thr Ser Thr Thr Ile Leu Leu 1800	1805	1810	5779
aac att ctg ggg ggc tgg ctg gcg tcc caa att gcg cca ccc gcg ggg Asn Ile Leu Gly Gly Trp Leu Ala Ser Gln Ile Ala Pro Pro Ala Gly 1815	1820	1825	5827
gcc act ggc ttt gtt gtc agt ggc ctg gtg gga gct gct gtt ggc agc Ala Thr Gly Phe Val Val Ser Gly Leu Val Gly Ala Ala Val Gly Ser 1830	1835	1840	5875
ata ggc ttg ggt aaa gtg ctg gtg gac atc ctg gca ggg tat ggt gcg Ile Gly Leu Gly Lys Val Leu Val Asp Ile Leu Ala Gly Tyr Gly Ala 1850	1855	1860	5923
ggc att tcg ggg gcc ctc gtc gcg ttt aag atc atg tct ggc gag aag Gly Ile Ser Gly Ala Leu Val Ala Phe Lys Ile Met Ser Gly Glu Lys 1865	1870	1875	5971
ccc tcc atg gag gat gtc atc aac ttg ctg cct ggg att ctg tct cca Pro Ser Met Glu Asp Val Ile Asn Leu Leu Pro Gly Ile Leu Ser Pro 1880	1885	1890	6019
ggt gct ctg gtg gtg gga gtc atc tgc gcg gcc att ctg cgc cgc cat Gly Ala Leu Val Val Gly Val Ile Cys Ala Ala Ile Leu Arg Arg His 1895	1900	1905	6067
gtg gga ccg ggg gaa ggc gcg gtc caa tgg atg aac agg ctt atc gcc Val Gly Pro Gly Glu Gly Ala Val Gln Trp Met Asn Arg Leu Ile Ala 1910	1915	1920	6115

ttc gct tcc aga gga aac cac gtc gcc cct act cac tac gtg acg gag Phe Ala Ser Arg Gly Asn His Val Ala Pro Thr His Tyr Val Thr Glu 1930 1935 1940	6163
tcg gat gcg tcg cag cgt gtc acc caa ctg ctt ggc tct ctc act ata Ser Asp Ala Ser Gln Arg Val Thr Gln Leu Leu Gly Ser Leu Thr Ile 1945 1950 1955	6211
act agt cta ctc agg aga ctt cac aac tgg atc act gag gat tgc ccc Thr Ser Leu Leu Arg Arg Leu His Asn Trp Ile Thr Glu Asp Cys Pro 1960 1965 1970	6259
atc cca tgc gcc ggc tcg tgg ctc cgc gat gtg tgg gac tgg gtc tgt Ile Pro Cys Ala Gly Ser Trp Leu Arg Asp Val Trp Asp Trp Val Cys 1975 1980 1985	6307
acc atc cta aca gac ttt aag aac tgg ctg acc tcc aag ctg ttc cca Thr Ile Leu Thr Asp Phe Lys Asn Trp Leu Thr Ser Lys Leu Phe Pro 1990 1995 2000 2005	6355
aag atg cct ggc ctc ccc ttt atc tct tgc caa aag ggg tac aag ggc Lys Met Pro Gly Leu Pro Phe Ile Ser Cys Gln Lys Gly Tyr Lys Gly 2010 2015 2020	6403
gtg tgg gcc ggc act ggc atc atg acc aca cga tgc ccc tgc ggc gcc Val Trp Ala Gly Thr Gly Ile Met Thr Thr Arg Cys Pro Cys Gly Ala 2025 2030 2035	6451
aac atc tct ggc aac gtc cgc ttg ggc tct atg aga atc aca gga ccc Asn Ile Ser Gly Asn Val Arg Leu Gly Ser Met Arg Ile Thr Gly Pro 2040 2045 2050	6499
aaa acc tgc atg aac acc tgg cag ggg acc ttt cct atc aat tgt tat Lys Thr Cys Met Asn Thr Trp Gln Gly Thr Phe Pro Ile Asn Cys Tyr 2055 2060 2065	6547
aca gaa ggc cag tgc ttg ccg aaa ccc gcg tta aac ttc aag acc gcc Thr Glu Gly Gln Cys Leu Pro Lys Pro Ala Leu Asn Phe Lys Thr Ala 2070 2075 2080 2085	6595
atc tgg aga gtg gcg gcc tca gag tac gcg gaa gtg acg cag cac gga Ile Trp Arg Val Ala Ala Ser Glu Tyr Ala Glu Val Thr Gln His Gly 2090 2095 2100	6643
tca tat gcc tat ata aca ggg ctg acc act gac aac tta aaa gtc cct Ser Tyr Ala Tyr Ile Thr Gly Leu Thr Thr Asp Asn Leu Lys Val Pro 2105 2110 2115	6691
tgc caa ctc ccc tct cca gag ttt ttc tct tgg gtg gac gga gta caa	6739

Cys Gln Leu Pro Ser Pro Glu Phe Phe Ser Trp Val Asp Gly Val Gln	
2120	2125 2130
atc cat agg tcc gcc ccc aca cca aag ccg ttt ttc cgg gat gag gtc	6787
Ile His Arg Ser Ala Pro Thr Pro Lys Pro Phe Phe Arg Asp Glu Val	
2135	2140 2145
tcg ttc agc gtt ggg ctc aat tca ttt gtc gtc ggg tct cag ctt ccc	6835
Ser Phe Ser Val Gly Leu Asn Ser Phe Val Val Gly Ser Gln Leu Pro	
2150	2155 2160 2165
tgt gac cct gag ccc gac act gag gta gtg atg tcc atg cta aca gac	6883
Cys Asp Pro Glu Pro Asp Thr Glu Val Val Met Ser Met Leu Thr Asp	
	2170 2175 2180
cca tcc cat atc acg gcg gag gct gca gcg cgg cgt tta gcg cgg ggg	6931
Pro Ser His Ile Thr Ala Glu Ala Ala Ala Arg Arg Leu Ala Arg Gly	
	2185 2190 2195
tca ccc cca tct gag gca agc tcc tca gcg agc cag ctg tcg gcg cca	6979
Ser Pro Pro Ser Glu Ala Ser Ser Ser Ala Ser Gln Leu Ser Ala Pro	
	2200 2205 2210
tcg ctg cga gcc acc tgc acc acc cac ggt agg acc tat gat gtg gac	7027
Ser Leu Arg Ala Thr Cys Thr Thr His Gly Arg Thr Tyr Asp Val Asp	
	2215 2220 2225
atg gtg gat gcc aac ctg ttc atg ggg ggc ggc gtg att cgg ata gag	7075
Met Val Asp Ala Asn Leu Phe Met Gly Gly Gly Val Ile Arg Ile Glu	
	2230 2235 2240 2245
tct gag tcc aaa gtg gtc gtt ctg gac tcc ctc gac tca atg acc gag	7123
Ser Glu Ser Lys Val Val Val Leu Asp Ser Leu Asp Ser Met Thr Glu	
	2250 2255 2260
gaa gag ggc gac ctt gag cct tca gta cca tcg gag tat atg ctc ccc	7171
Glu Glu Gly Asp Leu Glu Pro Ser Val Pro Ser Glu Tyr Met Leu Pro	
	2265 2270 2275
agg aag agg ttc cca ccg gcc tta ccg gct tgg gcg cgg cct gat tac	7219
Arg Lys Arg Phe Pro Pro Ala Leu Pro Ala Trp Ala Arg Pro Asp Tyr	
	2280 2285 2290
aac cca ccg ctt gtg gaa tcg tgg aag agg cca gat tac caa cca ccc	7267
Asn Pro Pro Leu Val Glu Ser Trp Lys Arg Pro Asp Tyr Gln Pro Pro	
	2295 2300 2305
act gtt gcg ggc tgt gct ctc ccc ccc ccc aaa aag acc ccg acg cct	7315
Thr Val Ala Gly Cys Ala Leu Pro Pro Pro Lys Lys Thr Pro Thr Pro	
	2310 2315 2320 2325

cct cca agg aga cgc cgg aca gtg ggt ctg agc gag agc acc ata gga 7363
 Pro Pro Arg Arg Arg Arg Thr Val Gly Leu Ser Glu Ser Thr Ile Gly
 2330 2335 2340

gat gcc ctc caa cag ctg gcc atc aag tcc ttt ggc cag ccc ccc cca 7411
 Asp Ala Leu Gln Gln Leu Ala Ile Lys Ser Phe Gly Gln Pro Pro Pro
 2345 2350 2355

agc ggc gat tca ggc ctt tcc acg ggg gcg gac gcc gcc gac tcc ggc 7459
 Ser Gly Asp Ser Gly Leu Ser Thr Gly Ala Asp Ala Ala Asp Ser Gly
 2360 2365 2370

gat cgg aca ccc cct gac gag ttg gct ctt tcg gag aca ggt tct acc 7507
 Asp Arg Thr Pro Pro Asp Glu Leu Ala Leu Ser Glu Thr Gly Ser Thr
 2375 2380 2385

tcc tcc atg ccc ccc ctc gag ggg gag cct ggg gac cca gac ctg gag 7555
 Ser Ser Met Pro Pro Leu Glu Gly Glu Pro Gly Asp Pro Asp Leu Glu
 2390 2395 2400 2405

cct gag cag gta gag ctt caa cct cct ccc cag ggg ggg gag gca gct 7603
 Pro Glu Gln Val Glu Leu Gln Pro Pro Pro Gln Gly Gly Glu Ala Ala
 2410 2415 2420

ccc ggc tcg gac tcg ggg tcc tgg tct act tgc tcc gag gag gat gac 7651
 Pro Gly Ser Asp Ser Gly Ser Trp Ser Thr Cys Ser Glu Glu Asp Asp
 2425 2430 2435

tcc gtc gtg tgc tgc tcc atg tca tat tcc tgg acc ggg gct cta ata 7699
 Ser Val Val Cys Cys Ser Met Ser Tyr Ser Trp Thr Gly Ala Leu Ile
 2440 2445 2450

act cct tgt agc ccc gaa gag gaa aag ttg cca att aac tcc ttg agc 7747
 Thr Pro Cys Ser Pro Glu Glu Glu Lys Leu Pro Ile Asn Ser Leu Ser
 2455 2460 2465

aac tcg ctg ttg cga tac cat aac aag gta tac tgt act aca tca aag 7795
 Asn Ser Leu Leu Arg Tyr His Asn Lys Val Tyr Cys Thr Thr Ser Lys
 2470 2475 2480 2485

agt gcc tca cta agg gct aaa aag gta act ttt gat agg atg caa gtg 7843
 Ser Ala Ser Leu Arg Ala Lys Lys Val Thr Phe Asp Arg Met Gln Val
 2490 2495 2500

ctc gac gcc tat tat gat tca gtc tta aag gac atc aag cta gcg gcc 7891
 Leu Asp Ala Tyr Tyr Asp Ser Val Leu Lys Asp Ile Lys Leu Ala Ala
 2505 2510 2515

tcc aag gtc agc gca agg ctc ctc acc tta gag gag gcg tgc caa ttg 7939

Ser Lys Val	Ser Ala Arg Leu Leu Thr Leu Glu Glu Ala Cys Gln Leu	
2520	2525	2530
acc cca ccc cac tct gca aga tcc aag tat ggg ttt ggg gct aag gag	7987	
Thr Pro Pro His Ser Ala Arg Ser Lys Tyr Gly Phe Gly Ala Lys Glu		
2535	2540	2545
gtc cgc agc ttg tcc ggg agg gcc gtc aac cac atc aag tcc gtg tgg	8035	
Val Arg Ser Leu Ser Gly Arg Ala Val Asn His Ile Lys Ser Val Trp		
2550	2555	2560
aag gac ctc ttg gaa gac tca caa aca cca att cct aca acc atc atg	8083	
Lys Asp Leu Leu Glu Asp Ser Gln Thr Pro Ile Pro Thr Thr Ile Met		
2570	2575	2580
gcc aaa aat gag gtg ttc tgc gtg gac ccc gcc aag ggg ggt aaa aaa	8131	
Ala Lys Asn Glu Val Phe Cys Val Asp Pro Ala Lys Gly Gly Lys Lys		
2585	2590	2595
cca gct cgc ctt atc gtt tac cct gac ctc ggc gtc agg gtc tgc gag	8179	
Pro Ala Arg Leu Ile Val Tyr Pro Asp Leu Gly Val Arg Val Cys Glu		
2600	2605	2610
aag atg gcc ctt tat gat gtc aca caa aag ctt cct cag gcg gtg atg	8227	
Lys Met Ala Leu Tyr Asp Val Thr Gln Lys Leu Pro Gln Ala Val Met		
2615	2620	2625
ggg gct tct tat ggc ttc cag tac tcc ccc gct cag cgg gtg gag ttt	8275	
Gly Ala Ser Tyr Gly Phe Gln Tyr Ser Pro Ala Gln Arg Val Glu Phe		
2630	2635	2640
ctc ttg aag gca tgg gcg gaa aag aga gac cct atg ggt ttt tcg tat	8323	
Leu Leu Lys Ala Trp Ala Glu Lys Arg Asp Pro Met Gly Phe Ser Tyr		
2650	2655	2660
gat acc cga tgc ttt gac tca acc gtc act gag aga gac atc agg act	8371	
Asp Thr Arg Cys Phe Asp Ser Thr Val Thr Glu Arg Asp Ile Arg Thr		
2665	2670	2675
gag gag tcc ata tac cag gcc tgc tcc tta ccc gag gag gcc cga act	8419	
Glu Glu Ser Ile Tyr Gln Ala Cys Ser Leu Pro Glu Glu Ala Arg Thr		
2680	2685	2690
gcc ata cac tcg ctg act gag aga ctc tat gtg gga ggg ccc atg ttc	8467	
Ala Ile His Ser Leu Thr Glu Arg Leu Tyr Val Gly Gly Pro Met Phe		
2695	2700	2705
aac agc aag ggc cag tcc tgc ggg tac agg cgt tgc cgc gcc agc ggg	8515	
Asn Ser Lys Gly Gln Ser Cys Gly Tyr Arg Arg Cys Arg Ala Ser Gly		
2710	2715	2720
		2725

gtg ctt acc act agt atg ggg aac acc atc aca tgc tat gta aaa gcc	8563
Val Leu Thr Thr Ser Met Gly Asn Thr Ile Thr Cys Tyr Val Lys Ala	
2730 2735 2740	
cta gcg gct tgc aag gct gcg ggg ata att gcg ccc acg atg ctg gta	8611
Leu Ala Ala Cys Lys Ala Ala Gly Ile Ile Ala Pro Thr Met Leu Val	
2745 2750 2755	
tgc ggc gac gac ttg gtc gtc atc tca gaa agc cag ggg act gag gag	8659
Cys Gly Asp Asp Leu Val Val Ile Ser Glu Ser Gln Gly Thr Glu Glu	
2760 2765 2770	
gac gag cgg aac ctg aga gcc ttc acg gag gct atg acc agg tat tct	8707
Asp Glu Arg Asn Leu Arg Ala Phe Thr Glu Ala Met Thr Arg Tyr Ser	
2775 2780 2785	
gcc cct cct ggt gac ccc ccc aga ccg gaa tat gac ctg gag cta ata	8755
Ala Pro Pro Gly Asp Pro Pro Arg Pro Glu Tyr Asp Leu Glu Leu Ile	
2790 2795 2800 2805	
aca tct tgt tcc tca aac gtg tct gtg gca ctt ggc cca cag ggc cgc	8803
Thr Ser Cys Ser Ser Asn Val Ser Val Ala Leu Gly Pro Gln Gly Arg	
2810 2815 2820	
cgc aga tac tac ctg acc aga gac ccc acc act tca att gcc cgg gct	8851
Arg Arg Tyr Tyr Leu Thr Arg Asp Pro Thr Thr Ser Ile Ala Arg Ala	
2825 2830 2835	
gcc tgg gaa aca gtt aga cac tcc cct gtc aat tca tgg ctg gga aac	8899
Ala Trp Glu Thr Val Arg His Ser Pro Val Asn Ser Trp Leu Gly Asn	
2840 2845 2850	
atc atc cag tac gct cca acc ata tgg gtt cgc atg gtc ctg atg aca	8947
Ile Ile Gln Tyr Ala Pro Thr Ile Trp Val Arg Met Val Leu Met Thr	
2855 2860 2865	
cac ttc ttc tcc att ctc atg gcc cag gac acc cta gac cag aac ctt	8995
His Phe Phe Ser Ile Leu Met Ala Gln Asp Thr Leu Asp Gln Asn Leu	
2870 2875 2880 2885	
aac ttt gaa atg tac gga tcg gtg tac tcc gtg agt cct ctg gac ctc	9043
Asn Phe Glu Met Tyr Gly Ser Val Tyr Ser Val Ser Pro Leu Asp Leu	
2890 2895 2900	
cca gcc ata att gaa agg tta cac ggg ctt gac gcc ttc tct ctg cac	9091
Pro Ala Ile Ile Glu Arg Leu His Gly Leu Asp Ala Phe Ser Leu His	
2905 2910 2915	
aca tac act ccc cac gaa ctg acg cgg gtg gct tca gcc ctc aga aaa	9139

Thr Tyr Thr Pro His Glu Leu Thr Arg Val Ala Ser Ala Leu Arg Lys
 2920 2925 2930
 ctt ggg gcg cca ccc ctc aga gcg tgg aag agt cgg gcg cgt gca gtt 9187
 Leu Gly Ala Pro Pro Leu Arg Ala Trp Lys Ser Arg Ala Arg Ala Val
 2935 2940 2945
 agg gcg tcc ctc atc tcc cgt ggg ggg agg gcg gcc gtt tgc ggt cgg 9235
 Arg Ala Ser Leu Ile Ser Arg Gly Gly Arg Ala Ala Val Cys Gly Arg
 2950 2955 2960 2965
 tac ctc ttc aac tgg gcg gtg aag acc aag ctc aaa ctc act cct ttg 9283
 Tyr Leu Phe Asn Trp Ala Val Lys Thr Lys Leu Lys Leu Thr Pro Leu
 2970 2975 2980
 ccg gag gca cgc ctc ctg gat ttg tcc agt tgg ttt acc gtc ggc gcc 9331
 Pro Glu Ala Arg Leu Leu Asp Leu Ser Ser Trp Phe Thr Val Gly Ala
 2985 2990 2995
 ggc ggg ggc gac att tat cac agc gtg tcg cgt gcc cga ccc cgc cta 9379
 Gly Gly Gly Asp Ile Tyr His Ser Val Ser Arg Ala Arg Pro Arg Leu
 3000 3005 3010
 tta ctc ctt agc cta ctc cta ctt tct gta ggg gta ggc ctc ttc cta 9427
 Leu Leu Leu Ser Leu Leu Leu Leu Ser Val Gly Val Gly Leu Phe Leu
 3015 3020 3025
 ctc ccc gct cga tag agcggcacac attagctaca ctccatagct aactgttcct 9482
 Leu Pro Ala Arg
 3030
 tttttttttt tttttttttt tttttttttt ttttttctt tttttttttt tttccctctt 9542
 ttttcccttc tcattcttatt ctactttctt tcttggtggc tccatcttag ccctgggtcac 9602
 ggctagctgt gaaaggtccg tgagccgcat gactgcagag agtgccgtaa ctggtctctc 9662
 tgcagatcat gt 9674

<210> 6

<211> 3033

<212> PRT

<213> Hepatitis C virus

<400> 6

Met Ser Thr Asn Pro Lys Pro Gln Arg Lys Thr Lys Arg Asn Thr Asn
 1 5 10 15
 Arg Arg Pro Gln Asp Val Lys Phe Pro Gly Gly Gly Gln Ile Val Gly
 20 25 30

Gly Val Tyr Leu Leu Pro Arg Arg Gly Pro Arg Leu Gly Val Arg Ala
 35 40 45
 Thr Arg Lys Ala Ser Glu Arg Ser Gln Pro Arg Gly Arg Arg Gln Pro
 50 55 60
 Ile Pro Lys His Arg Arg Ser Thr Gly Lys Ser Trp Gly Lys Pro Gly
 65 70 75 80
 Tyr Pro Trp Pro Leu Tyr Gly Asn Glu Gly Leu Gly Trp Ala Gly Trp
 85 90 95
 Leu Leu Ser Pro Arg Gly Ser Arg Pro Ser Trp Gly Pro Asn Asp Pro
 100 105 110
 Arg His Arg Ser Arg Asn Val Gly Lys Val Ile Asp Thr Leu Thr Cys
 115 120 125
 Gly Phe Ala Asp Leu Leu Gly Tyr Val Pro Val Val Gly Ala Pro Leu
 130 135 140
 Ser Gly Val Ala Ser Ala Leu Ala His Gly Val Arg Val Leu Glu Asp
 145 150 155 160
 Gly Val Asn Phe Ala Thr Gly Asn Leu Pro Gly Cys Ser Phe Ser Ile
 165 170 175
 Phe Leu Leu Ala Leu Leu Ser Cys Ile Thr Thr Pro Val Ser Ala Val
 180 185 190
 Gln Val Lys Asn Thr Ser Asn Ala Tyr Met Ala Thr Asn Asp Cys Ser
 195 200 205
 Asn Asp Ser Ile Thr Trp Gln Leu Glu Ala Ala Val Leu His Val Pro
 210 215 220
 Gly Cys Val Pro Cys Glu Lys Met Gly Asn Thr Ser Arg Cys Trp Ile
 225 230 235 240
 Pro Val Ser Pro Asn Val Ala Val Arg Gln Pro Gly Ala Leu Thr Arg
 245 250 255
 Gly Leu Arg Thr His Ile Asp Met Val Val Leu Ser Ala Thr Leu Cys
 260 265 270
 Ser Ala Leu Tyr Val Gly Asp Leu Cys Gly Gly Val Met Leu Ala Ser
 275 280 285
 Gln Met Phe Ile Val Ser Pro Gln His His Trp Phe Val Gln Glu Cys
 290 295 300
 Asn Cys Ser Ile Tyr Pro Gly Ala Ile Thr Gly His Arg Met Ala Trp
 305 310 315 320
 Asp Met Met Met Asn Trp Ser Pro Thr Thr Thr Met Ile Leu Ala Tyr
 325 330 335
 Val Met Arg Val Pro Glu Val Ile Ile Asp Ile Ile Ser Gly Ala His
 340 345 350
 Trp Gly Val Met Phe Gly Leu Ala Tyr Phe Ser Met Gln Gly Ala Trp
 355 360 365
 Ala Lys Val Val Val Ile Leu Leu Leu Ala Ser Gly Val Asp Ala Tyr
 370 375 380
 Thr Thr Thr Thr Gly Ser Ala Ala Gly Arg Thr Thr Ser Ser Leu Ala
 385 390 395 400
 Ser Ala Phe Ser Pro Gly Ala Arg Gln Asn Ile Gln Leu Ile Asn Thr
 405 410 415
 Asn Gly Ser Trp His Ile Asn Arg Thr Ala Leu Asn Cys Asn Asp Ser
 420 425 430

Leu His Thr Gly Phe Phe Thr Ala Leu Phe Tyr Ile His Lys Phe Asn
 435 440 445
 Ser Ser Gly Cys Pro Glu Arg Leu Ser Ala Cys Arg Asn Ile Glu Asp
 450 455 460
 Phe Arg Ile Gly Trp Gly Ala Leu Gln Tyr Asp Asp Asn Val Thr Asn
 465 470 475 480
 Pro Glu Asp Met Arg Pro Tyr Cys Trp His Tyr Pro Pro Lys Gln Cys
 485 490 495
 Gly Val Val Pro Ala Gly Thr Val Cys Gly Pro Val Tyr Cys Phe Thr
 500 505 510
 Pro Ser Pro Val Val Val Gly Thr Thr Asp Arg Leu Gly Val Pro Thr
 515 520 525
 Tyr Thr Trp Gly Glu Asn Glu Thr Asp Val Phe Leu Leu Asn Ser Thr
 530 535 540
 Arg Pro Pro Ser Gly Ser Trp Phe Gly Cys Thr Trp Met Asn Ser Thr
 545 550 555 560
 Gly Phe Thr Lys Thr Cys Gly Ala Pro Pro Cys Arg Thr Arg Ala Asp
 565 570 575
 Phe Asn Thr Ser Thr Asp Leu Leu Cys Pro Thr Asp Cys Phe Arg Lys
 580 585 590
 His Pro Glu Ala Thr Tyr Ile Lys Cys Gly Ser Gly Pro Trp Leu Thr
 595 600 605
 Pro Lys Cys Leu Val Asp Tyr Pro Tyr Arg Leu Trp His Tyr Pro Cys
 610 615 620
 Thr Val Asn Tyr Ser Thr Phe Lys Ile Arg Met Tyr Val Gly Gly Val
 625 630 635 640
 Glu His Arg Leu Met Ala Ala Cys Asn Phe Thr Arg Gly Asp Arg Cys
 645 650 655
 Asn Leu Glu Asp Arg Asp Arg Ser Gln Gln Thr Pro Leu Leu His Ser
 660 665 670
 Thr Thr Glu Trp Ala Ile Leu Pro Cys Ser Phe Ser Asp Leu Pro Ala
 675 680 685
 Leu Ser Thr Gly Leu Leu His Leu His Gln Asn Ile Val Asp Val Gln
 690 695 700
 Tyr Met Tyr Gly Leu Ser Pro Ala Leu Thr Gln Tyr Ile Val Arg Trp
 705 710 715 720
 Glu Trp Val Val Leu Leu Phe Leu Leu Leu Ala Asp Ala Arg Val Cys
 725 730 735
 Ala Cys Leu Trp Met Leu Ile Leu Leu Gly Gln Ala Glu Ala Ala Leu
 740 745 750
 Glu Lys Leu Val Val Leu His Ala Ala Ser Ala Ala Ser Cys Asn Gly
 755 760 765
 Phe Leu Tyr Phe Val Ile Phe Leu Val Ala Ala Trp His Ile Lys Gly
 770 775 780
 Arg Val Val Pro Leu Ala Ala Tyr Ser Leu Thr Gly Leu Trp Pro Phe
 785 790 795 800
 Cys Leu Leu Leu Leu Ala Leu Pro Gln Gln Ala Tyr Ala Tyr Asp Ala
 805 810 815
 Ser Val His Gly Gln Val Gly Ala Ala Leu Leu Val Leu Ile Thr Leu
 820 825 830

Phe Thr Leu Thr Pro Gly Tyr Lys Thr Leu Leu Ser Gln Ser Leu Trp
 835 840 845
 Trp Leu Cys Tyr Leu Leu Thr Leu Ala Glu Thr Met Val Gln Glu Trp
 850 855 860
 Ala Pro Ser Met Gln Ala Arg Gly Gly Arg Asp Gly Ile Ile Trp Ala
 865 870 875 880
 Ala Thr Ile Phe Cys Pro Gly Val Val Phe Asp Ile Thr Lys Trp Leu
 885 890 895
 Leu Ala Val Leu Gly Pro Gly Tyr Leu Leu Arg Gly Ala Leu Thr Arg
 900 905 910
 Val Pro Tyr Phe Val Arg Ala His Ala Leu Leu Arg Met Cys Thr Met
 915 920 925
 Val Arg His Leu Ala Gly Gly Arg Tyr Val Gln Met Ala Leu Leu Ala
 930 935 940
 Leu Gly Arg Trp Thr Gly Thr Tyr Ile Tyr Asp His Leu Thr Pro Met
 945 950 955 960
 Ser Asp Trp Ala Ala Ser Gly Leu Arg Asp Leu Ala Val Ala Val Glu
 965 970 975
 Pro Ile Ile Phe Ser Pro Met Glu Lys Lys Val Ile Val Trp Gly Ala
 980 985 990
 Glu Thr Ala Ala Cys Gly Asp Ile Leu His Gly Leu Pro Val Ser Ala
 995 1000 1005
 Arg Leu Gly Arg Glu Ile Leu Leu Gly Pro Ala Asp Gly Tyr Thr Ser
 1010 1015 1020
 Lys Gly Trp Lys Leu Leu Ala Pro Ile Thr Ala Tyr Ala Gln Gln Thr
 1025 1030 1035 1040
 Arg Gly Leu Leu Gly Ser Ile Val Val Ser Met Thr Gly Arg Asp Lys
 1045 1050 1055
 Thr Glu Gln Ala Gly Glu Val Gln Val Leu Ser Thr Val Thr Gln Ser
 1060 1065 1070
 Phe Leu Gly Thr Ser Ile Ser Gly Val Leu Trp Thr Val Tyr His Gly
 1075 1080 1085
 Ala Gly Asn Lys Thr Leu Ala Gly Ser Arg Gly Pro Val Thr Gln Met
 1090 1095 1100
 Tyr Ser Ser Ala Glu Gly Asp Leu Val Gly Trp Pro Ser Pro Pro Gly
 1105 1110 1115 1120
 Thr Lys Ser Leu Glu Pro Cys Thr Cys Gly Ala Val Asp Leu Tyr Leu
 1125 1130 1135
 Val Thr Arg Asn Ala Asp Val Ile Pro Ala Arg Arg Arg Gly Asp Lys
 1140 1145 1150
 Arg Gly Ala Leu Leu Ser Pro Arg Pro Leu Ser Thr Leu Lys Gly Ser
 1155 1160 1165
 Ser Gly Gly Pro Val Leu Cys Pro Arg Gly His Ala Val Gly Ile Phe
 1170 1175 1180
 Arg Ala Ala Val Cys Ser Arg Gly Val Ala Lys Ser Ile Asp Phe Ile
 1185 1190 1195 1200
 Pro Val Glu Thr Leu Asp Ile Val Thr Arg Ser Pro Thr Phe Ser Asp
 1205 1210 1215
 Asn Ser Thr Pro Pro Ala Val Pro Gln Thr Tyr Gln Val Gly Tyr Leu
 1220 1225 1230

His Ala Pro Thr Gly Ser Gly Lys Ser Thr Lys Val Pro Val Ala Tyr
 1235 1240 1245
 Ala Ala Gln Gly Tyr Lys Val Leu Val Leu Asn Pro Ser Val Ala Ala
 1250 1255 1260
 Thr Leu Gly Phe Gly Ala Tyr Leu Ser Lys Ala His Gly Ile Asn Pro
 1265 1270 1275 1280
 Asn Ile Arg Thr Gly Val Arg Thr Val Thr Thr Gly Glu Pro Ile Thr
 1285 1290 1295
 Tyr Ser Thr Tyr Gly Lys Phe Leu Ala Asp Gly Gly Cys Ala Gly Gly
 1300 1305 1310
 Ala Tyr Asp Ile Ile Ile Cys Asp Glu Cys His Ser Val Asp Ala Thr
 1315 1320 1325
 Thr Ile Leu Gly Ile Gly Thr Val Leu Asp Gln Ala Glu Thr Ala Gly
 1330 1335 1340
 Val Arg Leu Thr Val Leu Ala Thr Ala Thr Pro Pro Gly Ser Val Thr
 1345 1350 1355 1360
 Thr Pro His Pro Asn Ile Glu Glu Val Ala Leu Gly Gln Glu Gly Glu
 1365 1370 1375
 Ile Pro Phe Tyr Gly Arg Ala Phe Pro Leu Ser Tyr Ile Lys Gly Gly
 1380 1385 1390
 Arg His Leu Ile Phe Cys His Ser Lys Lys Lys Cys Asp Glu Leu Ala
 1395 1400 1405
 Thr Ala Leu Arg Gly Met Gly Leu Asn Ala Val Ala Tyr Tyr Arg Gly
 1410 1415 1420
 Leu Asp Val Ser Ile Ile Pro Thr Gln Gly Asp Val Val Val Val Ala
 1425 1430 1435 1440
 Thr Asp Ala Leu Met Thr Gly Tyr Thr Gly Asp Phe Asp Ser Val Ile
 1445 1450 1455
 Asp Cys Asn Val Ala Val Thr Gln Ala Val Asp Phe Ser Leu Asp Pro
 1460 1465 1470
 Thr Phe Thr Ile Thr Thr Gln Thr Val Pro Gln Asp Ala Val Ser Arg
 1475 1480 1485
 Ser Gln Arg Arg Gly Arg Thr Gly Arg Gly Arg Leu Gly Ile Tyr Arg
 1490 1495 1500
 Tyr Val Ser Thr Gly Glu Arg Ala Ser Gly Met Phe Asp Ser Val Val
 1505 1510 1515 1520
 Leu Cys Glu Cys Tyr Asp Ala Gly Ala Ala Trp Tyr Glu Leu Ser Pro
 1525 1530 1535
 Val Glu Thr Thr Val Arg Leu Arg Ala Tyr Phe Asn Thr Pro Gly Leu
 1540 1545 1550
 Pro Val Cys Gln Asp His Leu Glu Phe Trp Glu Ala Val Phe Thr Gly
 1555 1560 1565
 Leu Thr His Ile Asp Ala His Phe Leu Ser Gln Thr Lys Gln Ser Gly
 1570 1575 1580
 Glu Asn Phe Ala Tyr Leu Val Ala Tyr Gln Ala Thr Val Cys Ala Arg
 1585 1590 1595 1600
 Ala Lys Ala Pro Pro Ser Trp Asp Val Met Trp Lys Cys Leu Thr
 1605 1610 1615
 Arg Leu Lys Pro Thr Leu Val Gly Pro Thr Pro Leu Leu Tyr Arg Leu
 1620 1625 1630

Gly Ser Val Thr Asn Glu Val Thr Leu Thr His Pro Val Thr Lys Tyr
 1635 1640 1645
 Ile Ala Thr Cys Met Gln Ala Asp Leu Glu Val Met Thr Ser Thr Trp
 1650 1655 1660
 Val Leu Ala Gly Gly Val Leu Ala Ala Val Ala Ala Tyr Cys Leu Ala
 1665 1670 1675 1680
 Thr Gly Cys Val Ser Ile Ile Gly Arg Leu His Ile Asn Gln Arg Ala
 1685 1690 1695
 Val Val Ala Pro Asp Lys Glu Val Leu Tyr Glu Ala Phe Asp Glu Met
 1700 1705 1710
 Glu Glu Cys Ala Ser Arg Ala Ala Leu Leu Glu Glu Gly Gln Arg Ile
 1715 1720 1725
 Ala Glu Met Leu Lys Ser Lys Ile Gln Gly Leu Leu Gln Gln Ala Ser
 1730 1735 1740
 Lys Gln Ala Gln Asp Ile Gln Pro Ala Val Gln Ala Ser Trp Pro Lys
 1745 1750 1755 1760
 Met Glu Gln Phe Trp Ala Lys His Met Trp Asn Phe Ile Ser Gly Ile
 1765 1770 1775
 Gln Tyr Leu Ala Gly Leu Ser Thr Leu Pro Gly Asn Pro Ala Val Ala
 1780 1785 1790
 Ser Met Met Ala Phe Ser Ala Ala Leu Thr Ser Pro Leu Ser Thr Ser
 1795 1800 1805
 Thr Thr Ile Leu Leu Asn Ile Leu Gly Gly Trp Leu Ala Ser Gln Ile
 1810 1815 1820
 Ala Pro Pro Ala Gly Ala Thr Gly Phe Val Val Ser Gly Leu Val Gly
 1825 1830 1835 1840
 Ala Ala Val Gly Ser Ile Gly Leu Gly Lys Val Leu Val Asp Ile Leu
 1845 1850 1855
 Ala Gly Tyr Gly Ala Gly Ile Ser Gly Ala Leu Val Ala Phe Lys Ile
 1860 1865 1870
 Met Ser Gly Glu Lys Pro Ser Met Glu Asp Val Ile Asn Leu Leu Pro
 1875 1880 1885
 Gly Ile Leu Ser Pro Gly Ala Leu Val Val Gly Val Ile Cys Ala Ala
 1890 1895 1900
 Ile Leu Arg Arg His Val Gly Pro Gly Glu Gly Ala Val Gln Trp Met
 1905 1910 1915 1920
 Asn Arg Leu Ile Ala Phe Ala Ser Arg Gly Asn His Val Ala Pro Thr
 1925 1930 1935
 His Tyr Val Thr Glu Ser Asp Ala Ser Gln Arg Val Thr Gln Leu Leu
 1940 1945 1950
 Gly Ser Leu Thr Ile Thr Ser Leu Leu Arg Arg Leu His Asn Trp Ile
 1955 1960 1965
 Thr Glu Asp Cys Pro Ile Pro Cys Ala Gly Ser Trp Leu Arg Asp Val
 1970 1975 1980
 Trp Asp Trp Val Cys Thr Ile Leu Thr Asp Phe Lys Asn Trp Leu Thr
 1985 1990 1995 2000
 Ser Lys Leu Phe Pro Lys Met Pro Gly Leu Pro Phe Ile Ser Cys Gln
 2005 2010 2015
 Lys Gly Tyr Lys Gly Val Trp Ala Gly Thr Gly Ile Met Thr Thr Arg
 2020 2025 2030

Cys Pro Cys Gly Ala Asn Ile Ser Gly Asn Val Arg Leu Gly Ser Met
 2035 2040 2045
 Arg Ile Thr Gly Pro Lys Thr Cys Met Asn Thr Trp Gln Gly Thr Phe
 2050 2055 2060
 Pro Ile Asn Cys Tyr Thr Glu Gly Gln Cys Leu Pro Lys Pro Ala Leu
 2065 2070 2075 2080
 Asn Phe Lys Thr Ala Ile Trp Arg Val Ala Ala Ser Glu Tyr Ala Glu
 2085 2090 2095
 Val Thr Gln His Gly Ser Tyr Ala Tyr Ile Thr Gly Leu Thr Thr Asp
 2100 2105 2110
 Asn Leu Lys Val Pro Cys Gln Leu Pro Ser Pro Glu Phe Phe Ser Trp
 2115 2120 2125
 Val Asp Gly Val Gln Ile His Arg Ser Ala Pro Thr Pro Lys Pro Phe
 2130 2135 2140
 Phe Arg Asp Glu Val Ser Phe Ser Val Gly Leu Asn Ser Phe Val Val
 2145 2150 2155 2160
 Gly Ser Gln Leu Pro Cys Asp Pro Glu Pro Asp Thr Glu Val Val Met
 2165 2170 2175
 Ser Met Leu Thr Asp Pro Ser His Ile Thr Ala Glu Ala Ala Ala Arg
 2180 2185 2190
 Arg Leu Ala Arg Gly Ser Pro Pro Ser Glu Ala Ser Ser Ser Ala Ser
 2195 2200 2205
 Gln Leu Ser Ala Pro Ser Leu Arg Ala Thr Cys Thr Thr His Gly Arg
 2210 2215 2220
 Thr Tyr Asp Val Asp Met Val Asp Ala Asn Leu Phe Met Gly Gly Gly
 2225 2230 2235 2240
 Val Ile Arg Ile Glu Ser Glu Ser Lys Val Val Val Leu Asp Ser Leu
 2245 2250 2255
 Asp Ser Met Thr Glu Glu Glu Gly Asp Leu Glu Pro Ser Val Pro Ser
 2260 2265 2270
 Glu Tyr Met Leu Pro Arg Lys Arg Phe Pro Pro Ala Leu Pro Ala Trp
 2275 2280 2285
 Ala Arg Pro Asp Tyr Asn Pro Pro Leu Val Glu Ser Trp Lys Arg Pro
 2290 2295 2300
 Asp Tyr Gln Pro Pro Thr Val Ala Gly Cys Ala Leu Pro Pro Pro Lys
 2305 2310 2315 2320
 Lys Thr Pro Thr Pro Pro Pro Arg Arg Arg Arg Thr Val Gly Leu Ser
 2325 2330 2335
 Glu Ser Thr Ile Gly Asp Ala Leu Gln Gln Leu Ala Ile Lys Ser Phe
 2340 2345 2350
 Gly Gln Pro Pro Pro Ser Gly Asp Ser Gly Leu Ser Thr Gly Ala Asp
 2355 2360 2365
 Ala Ala Asp Ser Gly Asp Arg Thr Pro Pro Asp Glu Leu Ala Leu Ser
 2370 2375 2380
 Glu Thr Gly Ser Thr Ser Ser Met Pro Pro Leu Glu Gly Glu Pro Gly
 2385 2390 2395 2400
 Asp Pro Asp Leu Glu Pro Glu Gln Val Glu Leu Gln Pro Pro Pro Gln
 2405 2410 2415
 Gly Gly Glu Ala Ala Pro Gly Ser Asp Ser Gly Ser Trp Ser Thr Cys
 2420 2425 2430

Ser Glu Glu Asp Asp Ser Val Val Cys Cys Ser Met Ser Tyr Ser Trp
 2435 2440 2445
 Thr Gly Ala Leu Ile Thr Pro Cys Ser Pro Glu Glu Glu Lys Leu Pro
 2450 2455 2460
 Ile Asn Ser Leu Ser Asn Ser Leu Leu Arg Tyr His Asn Lys Val Tyr
 2465 2470 2475 2480
 Cys Thr Thr Ser Lys Ser Ala Ser Leu Arg Ala Lys Lys Val Thr Phe
 2485 2490 2495
 Asp Arg Met Gln Val Leu Asp Ala Tyr Tyr Asp Ser Val Leu Lys Asp
 2500 2505 2510
 Ile Lys Leu Ala Ala Ser Lys Val Ser Ala Arg Leu Leu Thr Leu Glu
 2515 2520 2525
 Glu Ala Cys Gln Leu Thr Pro Pro His Ser Ala Arg Ser Lys Tyr Gly
 2530 2535 2540
 Phe Gly Ala Lys Glu Val Arg Ser Leu Ser Gly Arg Ala Val Asn His
 2545 2550 2555 2560
 Ile Lys Ser Val Trp Lys Asp Leu Leu Glu Asp Ser Gln Thr Pro Ile
 2565 2570 2575
 Pro Thr Thr Ile Met Ala Lys Asn Glu Val Phe Cys Val Asp Pro Ala
 2580 2585 2590
 Lys Gly Gly Lys Lys Pro Ala Arg Leu Ile Val Tyr Pro Asp Leu Gly
 2595 2600 2605
 Val Arg Val Cys Glu Lys Met Ala Leu Tyr Asp Val Thr Gln Lys Leu
 2610 2615 2620
 Pro Gln Ala Val Met Gly Ala Ser Tyr Gly Phe Gln Tyr Ser Pro Ala
 2625 2630 2635 2640
 Gln Arg Val Glu Phe Leu Leu Lys Ala Trp Ala Glu Lys Arg Asp Pro
 2645 2650 2655
 Met Gly Phe Ser Tyr Asp Thr Arg Cys Phe Asp Ser Thr Val Thr Glu
 2660 2665 2670
 Arg Asp Ile Arg Thr Glu Glu Ser Ile Tyr Gln Ala Cys Ser Leu Pro
 2675 2680 2685
 Glu Glu Ala Arg Thr Ala Ile His Ser Leu Thr Glu Arg Leu Tyr Val
 2690 2695 2700
 Gly Gly Pro Met Phe Asn Ser Lys Gly Gln Ser Cys Gly Tyr Arg Arg
 2705 2710 2715 2720
 Cys Arg Ala Ser Gly Val Leu Thr Thr Ser Met Gly Asn Thr Ile Thr
 2725 2730 2735
 Cys Tyr Val Lys Ala Leu Ala Ala Cys Lys Ala Ala Gly Ile Ile Ala
 2740 2745 2750
 Pro Thr Met Leu Val Cys Gly Asp Asp Leu Val Val Ile Ser Glu Ser
 2755 2760 2765
 Gln Gly Thr Glu Glu Asp Glu Arg Asn Leu Arg Ala Phe Thr Glu Ala
 2770 2775 2780
 Met Thr Arg Tyr Ser Ala Pro Pro Gly Asp Pro Pro Arg Pro Glu Tyr
 2785 2790 2795 2800
 Asp Leu Glu Leu Ile Thr Ser Cys Ser Ser Asn Val Ser Val Ala Leu
 2805 2810 2815
 Gly Pro Gln Gly Arg Arg Arg Tyr Tyr Leu Thr Arg Asp Pro Thr Thr
 2820 2825 2830

Ser Ile Ala Arg Ala Ala Trp Glu Thr Val Arg His Ser Pro Val Asn
 2835 2840 2845
 Ser Trp Leu Gly Asn Ile Ile Gln Tyr Ala Pro Thr Ile Trp Val Arg
 2850 2855 2860
 Met Val Leu Met Thr His Phe Phe Ser Ile Leu Met Ala Gln Asp Thr
 2865 2870 2875 2880
 Leu Asp Gln Asn Leu Asn Phe Glu Met Tyr Gly Ser Val Tyr Ser Val
 2885 2890 2895
 Ser Pro Leu Asp Leu Pro Ala Ile Ile Glu Arg Leu His Gly Leu Asp
 2900 2905 2910
 Ala Phe Ser Leu His Thr Tyr Thr Pro His Glu Leu Thr Arg Val Ala
 2915 2920 2925
 Ser Ala Leu Arg Lys Leu Gly Ala Pro Pro Leu Arg Ala Trp Lys Ser
 2930 2935 2940
 Arg Ala Arg Ala Val Arg Ala Ser Leu Ile Ser Arg Gly Gly Arg Ala
 2945 2950 2955 2960
 Ala Val Cys Gly Arg Tyr Leu Phe Asn Trp Ala Val Lys Thr Lys Leu
 2965 2970 2975
 Lys Leu Thr Pro Leu Pro Glu Ala Arg Leu Leu Asp Leu Ser Ser Trp
 2980 2985 2990
 Phe Thr Val Gly Ala Gly Gly Gly Asp Ile Tyr His Ser Val Ser Arg
 2995 3000 3005
 Ala Arg Pro Arg Leu Leu Leu Leu Ser Leu Leu Leu Leu Ser Val Gly
 3010 3015 3020
 Val Gly Leu Phe Leu Leu Pro Ala Arg
 3025 3030

<210> 7

<211> 8024

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: replicon

<400> 7

accugcccu aauagggcg acacuccgcc augaaucacu cccugugag gaacuacugu 60
 cuucacgcag aaagcgccua gccauggcgu uaguaugagu gucguacagc cuccaggccc 120
 ccccccuccg ggagagccau aguggucugc ggaaccggug aguacaccgg aaaugccggg 180
 aagacugggu ccuuucuugg auaaaccac ucuaugccc gccauuuggg cgugcccccg 240
 caagacugcu agccgaguag cguuggguug cgaaaggccu ugugguacug ccugauaggg 300
 cgcuugcgag ugccccggga ggucucguag accgugcacc augagcaca auccuaaacc 360
 ucaaagaaaa accaaaagaa acaccaaccg ucgcccuaug auugaacaag auggauugca 420
 cgcagguucu cggcgccuu ggguggagag gcuaucggc uaugacuggg cacaacagac 480
 aaucggcugc ucugaugccg ccguguuccg gcugucagcg caggggcgcc cgguucuuuu 540
 ugucaagacc gaccuguccg gugcccugaa ugaacugcag gacgaggcag cgcggcuauc 600
 guggcuggcc acgacggcg uuccuugcgc agcugugcuc gacguuguca cugaagcggg 660
 aaggacugg cugcuauugg gcgaagugcc ggggcaggau cuccugucau cucaccuugc 720

uccugccgag aaaguaucca ucauggcuga ugcaaugcgg cggcugcaua cgcuugaucc 780
 ggcuaccugc ccauucgacc accaagcgaa acaucgcauc gagcgcagcac guacucggau 840
 ggaagccggu cuugucgauc aggaugaucu ggacgaagag caucaggggc ucgcgccagc 900
 cgaacuguuc gccaggcuca aggcgcgcgau gcccgcaggc gaggaucucg ucgugaccca 960
 uggcgaugcc ugcuugccga auaucauggu ggaaaauggc cgcuuuucug gauucaucga 1020
 cuguggccgg cuggguugg cggaccgcua ucaggacaua gcguuggcua cccgugauau 1080
 ugcugaagag cuuggcggcg aaugggcuga ccgcuuccuc gugcuuuacg guaucgccgc 1140
 ucccgaauucg cagcgcuaucg ccuucuaucg ccuucuuugac gaguucuuu gaguuuaaac 1200
 ccucuccuc ccccccccu aacguuacug gccgaagccg cuuggaauaa ggccggugug 1260
 cguuugucua uauguuuuu uccaccauau ugccgucuuu uggcaaugug agggcccggg 1320
 aaccuggccc ugucuuucg acgagcauuc cuaggggucu uccccucuc gccaaaggaa 1380
 ugcaaggucu guugaauguc gugaaggaag caguuccucu ggaagcuuci ugaagacaaa 1440
 caacgucugu agcgaccuu ugcaggcagc ggaaccccc accuggcgac aggugccucu 1500
 gcggccaaaa gccacgugua uaagauacac cugcaaaggc ggcacaacc cagugccacg 1560
 uuugagauug gauaguugug gaaagaguca aauggcucuc cucaagcgua uucaacaagg 1620
 ggcugaagga ugcccagaag guaccccau guaugggau ugaucugggg ccucggugca 1680
 caugcuuuac auguguuuag ucgagguuaa aaaaacgucu agggcccccg aaccacgggg 1740
 acgugguuuu ccuuugaaaa acacgaugau accauggcuc ccaucacugc uuaugccag 1800
 caaacacgag gccuccugg cgccauagug gugaguauga cggggcguga caggacagaa 1860
 caggccgggg aaguccaaau ccuguccaca gucucucagu ccuuccucgg aacaaccauc 1920
 ucggggguuu uguggacugu uuaccacgga gcuggcaaca agacucuagc cggcuuacgg 1980
 gguccgguca cgcagaugua cucgagugcu gagggggacu ugguaggcug gccagcccc 2040
 ccugggacca agucuuugga gccgugcaag uguggagccg ucgaccuaa ucuggucacg 2100
 cggaacgcug augucaucc gccucggaga cgcggggaca agcggggagc auugcucucc 2160
 ccgagacca uuucgaccu gaaggggucc ucgggggggc cggugcucug ccuaggggc 2220
 cagucguug ggcucuucc agcagcugug ugcucucggg gcguggccaa auccaucgau 2280
 uuauccccg uuagacacu cgacguuguu acaaggucuc ccacuucag ugacaacagc 2340
 acgccaccgg cugugcccca gaccuaucag gucggguacu ugcaugcucc aacuggcagu 2400
 ggaaagagca ccaaggucc ugucgcguau gccgccagg gguacaaagu acuagucuu 2460
 aaccucugg uagcugccac ccugggguuu ggggcguacc uauccaaggc acauggcauc 2520
 aauccaaca uuaggacugg agucaggacc gugaugaccg gggaggccau cacguacucc 2580
 acauaggca aaauucucg cgaugggggc ugcguuagc gcgccuauga caucaucau 2640
 ugcgaugaau gccacgcugu ggaugcuacc ucauucucg gcaucggaac gguccuugau 2700
 caagcagaga cagccggggu cagacuaacu gucgugcua cggccacacc ccccgguca 2760
 gugacaacc ccauuccga uauagaaaag guaggcucg ggcgggaggg ugagaucucc 2820
 uuauaggga gggcgauucc ccuauccugc aucaaggag ggagacaccu gauuuucugc 2880
 cacucaaaaga aaaaguguga cgagcucgcg gcggcccuuc ggggcauggg cuugaaucc 2940
 guggcauacu auagaggguu ggacgucucc auauaccag cucagggaga ugugguguc 3000
 gucgccacc acgccucau gacgggguac acuggagacu uugacuccgu gaucgacugc 3060
 aauguagcgg ucaccaagc ugucgacuuc agccuggacc ccaccuucac uauaaccaca 3120
 cagacugucc cacaagacgc ugucucacgc agucagcgc gcgggcgcac agguagagga 3180
 agacagggca cuuauaggua uguuuccacu ggugaacgag ccucaggaau guuugacagu 3240
 guagugcuuu gugagucua cgacgcaggg gcugcguggu acgaucucac accagcggag 3300
 accaccguca ggcuuagagc guauuacaac acgcccggcc uaccgugug ucaagaccu 3360
 cuugaauuuu gggaggcagu uuucaccggc cucacacaca uagacgcca cuuccucucc 3420
 caaacaagc aagcggggga gaacuucgcg uaccuaguag ccuaccaagc uacggugugc 3480
 gccagagcca agggccucc cccguccugg gacgccaugu ggaagugccu ggcccagac 3540
 aagccuacgc uugcggggc cacaccucuc cuguaccguu ugggcccua uaccaaugag 3600
 guacccuca cacaccugg gacgaaguac aucgccacu gcaugcaagc ugaccuugag 3660
 gucaugacca gcacgugggu ccuagcugga ggaguccugg cagccgucgc cgcauuugc 3720

cuggcgacug gaugcguuuc caucaucggc cgcuugcacg ucaaccagcg agucgucguu 3780
 gcgcccggaua aggaggguccu guaugaggcu uuugaugaga uggaggaaug cgccucuagg 3840
 gcgggcucuca ucgaagaggg gcagcggaua gccgagaugu ugaaguccaa gaucceaaggc 3900
 uugcugcagc aggccucuaa gcaggcccag gacauacaac ccgcuauagca ggcuucaugg 3960
 cccaaagugg aacaauuuug ggccagacac auguggaacu ucauuagcgg cauccaauac 4020
 cucgcaggau ugucaacacu gccagggaac cccgcggugg cuuccaugau ggcauucagu 4080
 gccgcccua ccaguccguu gucgaccagu accaccaucc uucucaacau caugggaggc 4140
 ugguuagcgu cccagaucgc accaccgcg gggggccaccg gcuuugucgu caguggccug 4200
 gugggggucg ccgugggcag cauaggccug gguaaggugc ugguggacau ccuggcagga 4260
 uauggugcgg gcauuucggg ggcccucguc gcauuaaga ucaugucugg cgagaagccc 4320
 ucuauggaag augucauaa ucuacugccu gggauccugu cuccgggagc ccugguggug 4380
 ggggucacu gcgcggccau ucugcgccgc cacgugggac cgggggaggg cgcgguccaa 4440
 uggaugaaca ggcuuauugc cuuugcuucc agaggaaacc acgucgccc uacucacuac 4500
 gugacggagu cggaugcguc gcagcgugug acccaacuac uuggcucucu uacuauaacc 4560
 agccuacuca gaagacucca caauuggaua acugaggacu gccccauccc augcuccgga 4620
 uccuggcucc gcgacgugug ggacuggguu ugcaccaucu ugacagacuu caaaaauugg 4680
 cugaccucua aauuguucc caagcugccc ggccuccccu ucaucucuug ucaaaagggg 4740
 uacaagggug ugugggcccg cacuggcauc augaccacgc gcugcccuug cggcgccaac 4800
 aucucuggca auguccccu gggcucuaug aggaucacag ggccuaaaac cugcaugaac 4860
 accuggcagg ggaccuuucc uaucaauugc uacacggagg gccagugcg gcggaacc 4920
 cccacgaacu acaagaccgc caucuggagg guggcgccu cggaguacgc ggaggugacg 4980
 cagcaugggu cguacuccua uguaacagga cugaccacug acaaucugaa aaauccuugc 5040
 caacuaccuu cuccagaguu uuucuccugg guggacggug ugcagaacca uagguuugca 5100
 cccacaccaa agccguuuu cggggaugag gucucguucu gcguugggcu uaauuccuau 5160
 gcugucgggu cccagcuucc cugugaaccu gagcccgacg cagacguauu gagguccaug 5220
 cuaacagauc cgcccacau cacggcggag acugcgcg gcgcguuggc acggggauca 5280
 ccuccaucug aggcgagcuc cucagugagc cagcuauag caccgucgcu gcgggccacc 5340
 ugcaccacc acagcaacac cuaugacgug gacauagguc augccaaccu gcucauggag 5400
 ggcggugugg cucagacaga gccugagucc agggugccc uucuggacuu ucucgagcca 5460
 auggccgagg aagagagcga ccuugagccc ucaauaccu cggagugcau gcuccccagg 5520
 agcggguuuc cacgggccc accggcuugg gcacggccug acuacaacc gccgcucgug 5580
 gaaucgugga ggaggccaga uuaccaaccg cccaccguug cugguugugc ucucuccccc 5640
 cccaagaagg ccccgacgc uccccaagg agacgccga cagugggucu gagcgagagc 5700
 accauaucag aagcccucca gcaacuggcc aucaagaccu uuggccagcc cccucgagc 5760
 ggugaugcag gcucguccac gggggcgggc gccgcgaau ccggcggucc gacgucccu 5820
 ggugagccgg ccccccaga gacagguucc gccuccua ugccccccu cgaggggggag 5880
 ccuggagauc cggaccugga gucugaucag guagagcuuc aaccuccccc ccaggggggg 5940
 gggguagcuc ccgguucggg cucggggucu uggucuacu gcuccgagga ggacgauacc 6000
 accgugugcu gcuccaugu auacuccugg accggggcuc uaauaacucc cuguagccc 6060
 gaagaggaaa aguugccaau caaccuuug aguaacucgc uguugcgaua ccauaacaag 6120
 guguacugua caacaucaaa gagcgccuca cagagggcua aaaagguaac uuugacagg 6180
 acgcaagugc ucgacgcca uuaugacua gucuuaaagg acaucaagcu agcggcuucc 6240
 aaggucagcg caaggcuccu caccuuggag gaggcgugc aguugacucc accccauucu 6300
 gcaagaacca aguauggauu cggggccaag gagguccgca gcuuguccgg gagggccguu 6360
 aaccacauca aguccgugug gaaggaccuc cuggaagacc cacaacacc aaaucccaca 6420
 accaucaugg ccaaaaauga gguguucugc guggacccc ccaagggggg uaagaaacca 6480
 gcucgccuca ucguuuacc ugaccucggc guccgggucu gcgagaaaau ggcccucuau 6540
 gacauuacac aaaagcuucc ucaggcggua augggagcuu ccuauggcuu ccaguacucc 6600
 ccugcccaac ggguggagua ucucuugaaa gcaugggcgg aaaagaagga ccccaugggu 6660
 uuucguaug auaccggaug cuucgacuca accgucacug agagagacau caggaccgag 6720

gaguccauau accaggccug cuccugccc gaggaggccc gcacugccau acacucgcug 6780
 acugagagac uuuacguagg agggcccaug uucaacagca agggucaaac cugcgguuac 6840
 agacguugcc gcgccagcgg ggugcuaacc acuagcaugg guaacaccau cacaugcuau 6900
 gugaaagccc uagcggccug caaggcugcg gggauaguug cgcccacaau gcugguaugc 6960
 ggcaaugacc uaguagucan cucagaaagc caggggacug aggaggacga gcggaaccug 7020
 agagccuua cggaggccau gaccagguac ucugcccuc cuggugauc cccagaccg 7080
 gaauaugacc uggagcuau acauccugu uccucaaau ugucuguggc guugggccg 7140
 cggggccgccc gcagauacua ccugaccaga gaccaacca cuccacucgc ccgggcugcc 7200
 ugggaaacag uuagacacuc ccuaucaau ucauggcugg gaaacaucan ccaguaugcu 7260
 ccaaccauau ggguucgcau gguccuaug acacacuuc ucuccauuc caugguccaa 7320
 gacaccucgg accagaaccu caacuugag augauaggau caguauacuc cgugaauccu 7380
 uuggaccuuc cagccauau ugagagguua cacgggcuug acgccuuuuc uaugcacaca 7440
 uacucucacc acgaacugac gcggguggcu ucagccuca gaaaacuugg ggcgccacc 7500
 cucaggguu ggaagagucg ggcucgcgc gucaggcggu ccucaucuc ccguggaggg 7560
 aaagcggccg uuugcggccg auaucucuuc aauggggcgg ugaagaccaa gcucaaacuc 7620
 acuccauugc cggaggcgcg ccuacuggac uuauccagu ggauaccgu cggcgccggc 7680
 gggggcgaca uuuuucacag cgugucgcgc gcccagcccc gcucuuacu cuucggccua 7740
 cuccuacuu ucguaggggu aggccucuuc cuacucuccg cucgguagag cggcacacac 7800
 uagguacacu ccuagcuua cuguuccuu uuuuuuuuu uuuuuuuuu uuuuuuuuu 7860
 uuuuuuuuu cuuuuuuuuu uuuuuccuc uuucuuuccu ucucaucua uucuaucuu 7920
 uuucuggug gcuccauuc agcccuaguc acggcuagcu gugaaagguc cgugagccgc 7980
 augacugcag agagugccgu aacuggucuc ucugcagauc augu 8024

<210> 8

<211> 7994

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: replicon

<400> 8

accugcccu aauagggcg acacuccgccc augaauacuc cccugugag gaacuacugu 60
 cuucacgcag aaagcgccua gccauggcgu uaguaugagu gucguacagc cuccaggccc 120
 ccccucccg ggagagccau aguggucugc ggaaccggug aguacaccgg aaaugccggg 180
 aagacugggu ccuuucugg auaaaccac ucuaugcccg gccauuuggg cgugccccg 240
 caagacugcu agccgaguag cguuggguug cgaaaggccu ugugguacug ccugauaggg 300
 cguugcgag ugccccggga ggucucguag accgugcacc augagcaca auccuaaacc 360
 ucaaagaaaa accaaaagaa acaccaaccg ucgcccuaug auugaacaag auggauugca 420
 cgcagguucu ccggccgcuu ggguggagag gcuaucggc uaugacuggg cacaacagac 480
 aaucggcugc ucugaugccg ccgguuccg gcugucagcg cagggcgccc cggguuuuu 540
 ugucaagacc gaccuguccg gugcccugaa ugaacugcag gacgaggcag cgcggcuau 600
 guggcuggcc acgacggcg uuuccuugcg agcugugcuc gacguugua cugaagcggg 660
 aagggacugg cugcuauugg gcgaagugcc ggggcaggau cuccugucan cucaccuugc 720
 uccugccgag aaaguaucan ucauggcuga ugcaaugcgg cggcugcua cgcuugauc 780
 ggcuaucugc ccuucgacc accaagcgaa acaucgcauc gagcgagcac guacucggau 840
 ggaagccgg cuugucganc aggaugauc ggacgaagag caucaggggc ucgcgccagc 900
 cgaacuguuc gccaggcuca aggcgcgcau gcccagcggc gaggaucuc ucgugacca 960
 uggcgaugcc ugcuuuccga auaucauggu ggaaauggc gcuuuucug gauuauca 1020

cuguggccgg	cugggugugg	cggaccgcua	ucaggacaua	gcguuggcua	cccugauau	1080
ugcugaagag	cuuggcggcg	aaugggcuga	ccguuccuc	gugcuuacg	guaucgccgc	1140
ucccgauucg	cagcgcaucg	ccuucuaucg	ccuucuuugac	gaguucuuu	gaguuuaaac	1200
ccucuccuc	ccccccccc	aacguuacug	gccgaagccg	cuuggaauaa	ggccggugug	1260
cguuugucua	uauguuauuu	uccaccauau	ugccgucuuu	uggcaaugug	agggcccggga	1320
aaccuggccc	ugucuuuug	acgagcauuc	cuagggguc	uuccccucuc	gccaaaggaa	1380
ugcaaggucu	guugaauguc	gugaaggaag	caguuccucu	ggaagcuuc	ugaagacaaa	1440
caacgucugu	agcgaccuu	ugcaggcagc	ggaaccccc	accuggcgac	aggugccucu	1500
gcggccaaaa	gccacgugua	uaagauacac	cugcaaaggc	ggcacaacc	cagugccacg	1560
uugugaguug	gauaguugug	gaaagaguca	aauggcucuc	cucaagcgua	uuaacaagg	1620
ggcugaagga	ugcccagaag	guaccccauu	guaugggauc	ugaucugggg	ccucggugca	1680
caugcuuac	auguguuuag	ucgagguuaa	aaaaacgucu	aggcccccg	aaccacgggg	1740
acgugguuuu	ccuuugaaaa	acacgaugau	accauggcuc	ccaucacugc	uuaugccag	1800
caaacacgag	gccuccuggg	cgccauagug	gugaguauga	cggggcguga	caggacagaa	1860
caggccgggg	aaguccaaa	ccuguccaca	gucucucagu	ccuuccucgg	aacaaccauc	1920
ucgggggguu	uguggacugu	uuaccacgga	gcuggcaaca	agacucuagc	cggcuuacgg	1980
gguccgguca	cgcagaugua	cucgagugcu	gagggggacu	ugguaggcug	gcccagcccc	2040
ccugggacca	agucuuugga	gccgugcaag	uguggagccg	ucgaccuaua	ucuggucacg	2100
cggaaacgcug	augucaucc	ggcucggaga	cgcggggaca	agcggggagc	auugcucucc	2160
ccgagacca	uuucgaccuu	gaaggggucc	ucgggggggc	cggugcucug	ccuaggggc	2220
cacgucguug	ggcucuuucc	agcagcugug	ugcucucggg	gcguggccaa	auccaucgau	2280
uucauccccg	uugagacacu	cgacguuguu	acaaggucuc	ccacuucag	ugacaacagc	2340
acgccaccgg	cugugcccca	gaccuauacg	gucggguacu	ugcaugcucc	aacuggcagu	2400
ggaaagagca	ccaaggucc	ugucgcguau	gccgccagg	gguacaaagu	acuagugcuu	2460
aaccucccg	uagcugccac	ccugggguuu	ggggcguaac	uauccaaggc	acauggcauc	2520
aaucccaaca	uuaggacugg	agucaggacc	gugaugaccg	gggaggccau	cacguacucc	2580
acauauggca	aaauucucgc	cgaugggggc	ugcgcuagcg	gcgccuaua	caucaucaua	2640
ugcgaugaau	gccacgcugu	ggauugcuacc	uccauucucg	gcaucggaac	gguccuugau	2700
caagcagaga	cagccggggg	cagacuaacu	gugcuggcua	cggccacacc	cccggguca	2760
gugacaaccc	cccuaucgga	uauagaagag	guaggccucg	ggcggggagg	ugagaucucc	2820
uucuauggga	gggcgauucc	ccuauccugc	aucaaggag	ggagacaccu	gauuuucugc	2880
cacucaaaga	aaaaguguga	cgagcucgcg	gcggcccuuc	ggggcauggg	cuugaugcc	2940
guggcauacu	auagaggguu	ggacgucucc	auaaauaccag	cucagggaga	ugugguguc	3000
gucgccaccg	acgccucacu	gacggguac	acuggagacu	uugacuccgu	gaucgacugc	3060
aauguagcgg	ucaccaagc	ugucgacuuc	agccuggacc	ccaccuucac	uauaaccaca	3120
cagacugucc	cacaagacgc	ugucucacgc	agucagcgcc	gcgggcgcac	agguagagga	3180
agacaggga	cuuauaggua	uguuuccacu	ggugaacgag	ccucaggaau	guuugacagu	3240
guagugcuuu	gugagugcua	cgacgcaggg	gcugcguggu	acgaucucac	accagcggag	3300
accaccguca	ggcuuagagc	guauuuaac	acgcccggcc	uacccgugug	ucaagaccu	3360
cuugaauuuu	gggaggcagu	uuucaccggc	cucacacaca	uagacgcca	cuuccucucc	3420
caaacaaagc	aagcggggga	gaacuucgcg	uaccuaguag	ccuaccaagc	uacggugugc	3480
gccagagcca	aggccccucc	cccguccugg	gacgccaugu	ggaagugccu	ggcccgauc	3540
aagccuacgc	uugcggggcc	cacaccucuc	cuguaccguu	uggggccuau	uaccaaugag	3600
gucaccucua	cacaccuggg	gacgaaguac	aucgccacau	gcaugcaagc	ugaccuugag	3660
gucaugacca	gcacgugggu	ccuagcugga	ggaguccugg	cagccgucgc	cgcauuugc	3720
cuggcgacug	gaugcguuuc	caucaucggc	cgcuugcacg	ucaaccagcg	agucgucguu	3780
gcggcggaau	aggagguccu	guauagggcu	uuugaugaga	uggaggaau	cgccucuagg	3840
gcggcucuca	ucgaagaggg	gcagcggaau	gccgagaugu	ugaaguccaa	gauccaaggc	3900
uugcugcagc	aggccucuaa	gcaggcccag	gacauacaac	ccgcuaugca	ggcuucaugg	3960
cccaaagugg	aacaauuuug	ggccagacac	auguggaacu	ucauuagcgg	cauccaauac	4020

cucgcaggau	ugucaacacu	gccagggaaac	cccgcggugg	cuuccaugau	ggcauicagu	4080
gccgcccua	ccaguccguu	gucgaccagu	accaccaucc	uucucaacau	caugggaggc	4140
ugguuagcgu	cccagaucgc	accaccgcgc	ggggccaccg	gcuuugucgu	caguggccug	4200
gugggggucg	ccgugggcag	cauaggccug	gguaaggugc	ugguggacau	ccuggcagga	4260
uauggugcgg	gcauuucggg	ggcccucguc	gcauuaaga	ucaugucugg	cgagaagccc	4320
ucuauggaag	augucauaa	ucuacugccu	gggauccugu	cuccgggagc	ccugguggug	4380
gggggucacu	gcgcggccau	ucugcgccgc	cacgugggac	cgggggaggg	cgcgguccaa	4440
uggaugaaca	ggcuuauugc	cuuugcuucc	agaggaaacc	acgucgcccc	uacucacuac	4500
gugacggagu	cggauvcguc	gcagcgugug	acccaacuac	uuggcucucu	uacuuaaacc	4560
agccuacuca	gaagacucca	caauuggaua	acugaggacu	gccccauccc	augcuccgga	4620
uccuggcucc	gcgacgugug	ggacuggguu	ugcaccacu	ugacagacuu	caaaaauugg	4680
cugaccucua	aauguuuccc	caagcugccc	ggccuccccu	ucaucucuug	ucaaaggggg	4740
uacaagggug	ugugggccc	cacuggcauc	augaccacgc	gcugcccuug	cggcgccaac	4800
aucucuggca	auguccgccu	gggcucuaug	aggauacacag	ggccuaaaac	cugcaugaac	4860
accuggcagg	ggaccuuucc	uaucuuuugc	uacacggagg	gccagugcgc	gccgaaaccc	4920
cccacgaacu	acaagaccgc	caucuggagg	guggcgcccu	cggaguacgc	ggaggugacg	4980
cagcaugggu	cguacuccua	uguaacagga	cugaccacug	acaauucgaa	aaauccuugc	5040
caacuaccuu	cuccagaguu	uuucuccugg	guggacggug	ugcagaacca	uagguuugca	5100
cccacaccaa	agccguuuuu	ccgggaugag	gucucguucu	gcguugggcu	uaauuccuau	5160
gcugucgggu	cccagcuucc	cugugaaccu	gagcccgcag	cagacguauu	gagguccaug	5220
cuaacagauc	cgccccacau	cacggcggag	acugcggcgc	ggcgcuuugg	acgggggauc	5280
ccuccaucug	aggcgagcuc	cucagugagc	cagcuauacag	caccgucgcu	gcgggcccacc	5340
ugcaccaccc	acagcaacac	cuauagcug	gacauuggucg	augccaaccu	gcucauggag	5400
ggcggugugg	cucagacaga	gccugagucc	agggugccc	uucuggacuu	ucucgagcca	5460
augggccagg	aagagagcga	ccuugagccc	ucaauaccu	cggagugcau	gcuccccagg	5520
agcggguuuc	cacgggccc	accggcuugg	gcacggccug	acuacaacc	gccgcucgug	5580
gaaucgugga	ggaggccaga	uuaccaaccg	cccaccguug	cugguugugc	ucucggggg	5640
cccagaagg	ccccgacgcc	uccccaagg	agacgccgga	cagugggucu	gagcgagagc	5700
accuauacag	aagcccucca	gcaacuggcc	aucaagaccu	uuggccagcc	cccucgagc	5760
ggugaugcag	gcucguccac	gggggcgggc	gccgccgaau	ccggcggucc	gacgucccu	5820
ggugagccgg	ccccucaga	gacagguucc	gccuccucua	ugccccccu	cgaggggggag	5880
ccuggagau	cggaccugga	gucugaucag	guagagcuuc	aaccuccccc	ccaggggggg	5940
gggguagcuc	ccgguucggg	cucggggucu	uggucuaacu	gcuccgagga	ggacgauacc	6000
accgugugcu	gcuccauguc	auacuccugg	accggggcuc	uaauaacucc	cuguagcccc	6060
gaagaggaaa	aguugccaau	caaccuuug	aguaacucgc	uguugcgaua	ccauaacaag	6120
guguacugua	caacaucaaa	gagcgccuca	cagagggcua	aaaagguaac	uuuugacagg	6180
acgcaagugc	ucgacgccc	uuauagacua	gucuuaaagg	acaucaagcu	agcggcuucc	6240
aaggucagcg	caaggcuccu	caccuuggag	gaggcgugcc	aguugacucc	acccauucu	6300
gcaagaucca	aguauggauu	cggggccaag	gagguccgca	gcuuguccgg	gaggggccguu	6360
aaccacauca	aguccgugug	gaaggaccuc	cuggaagacc	cacaaacacc	aaaucccaca	6420
accuauagg	ccaaaaauga	gguguucugc	guggacccc	ccaagggggg	uaagaaacca	6480
gcucgccuca	ucguuuaccc	ugaccucggc	guccgggucu	gcgagaaaau	ggcccucua	6540
gacauuacac	aaaagcuucc	ucaggcgguu	augggagcuu	ccuauggcuu	ccaguacucc	6600
ccugcccaac	ggguggagua	ucucuugaaa	gcaugggcgg	aaaagaagga	ccccaugggu	6660
uuuucguaug	auaccggaug	cuucgacuca	accgucacug	agagagacau	caggaccgag	6720
gaguccauau	accaggccug	cuccucgccc	gaggaggccc	gcacugccau	acacucgcug	6780
acugagagac	uuuacguagg	agggcccaug	uucaacagca	agggucaaac	cugcgguuac	6840
agacguugcc	gcgccagcgg	ggugcuuacc	acuagcaugg	guaacaccau	cacaugcuau	6900
gugaaaagccc	uagcgccug	caaggcugcg	gggauaguug	cgcccacaau	cucagaaagc	6960
caggggacug	aggaggacga	gcggaaccug	agagccuua	cggaggccau	gaccagguac	7020


```

ucugccccuc cuggugaucc cccagaccg gaauaugacc uggagcuaau acauccugu 7080
uccucaaauug ugucuguggc guugggccc cggggccgcc gcagauacua ccugaccaga 7140
gaccaacca cuccacucgc ccgggcugcc ugggaaacag uuagacacuc ccuaucaau 7200
ucauggcugg gaaacaucau ccaguaugcu ccaaccuauu ggguucgcau gguccuaau 7260
acacacuucu uuccauucu caugguccaa gacaccugg accagaaccu caacuugag 7320
augauaggau caguauacuc cgugaauccu uggaccuuc cagccauauu ugagaggua 7380
cacgggcuug acgccuuuuc uaugcacaca uacucucacc acgaacugac gcggguggcu 7440
ucagcccua gaaaacuugg ggcgccacc cucaggguu ggaagaguc ggucgcgcga 7500
gucaggcgcu ccuacucuc ccguggagg aaagcggccg uuugcggccg auaucucuuc 7560
aauggggcg ugaagaccaa gcuaaacuc acuccauugc cggaggcgcg ccuacuggac 7620
uuauccaguu gguuaccgu cggcgccggc gggggcgaca uuuuucacag cgugucgcgc 7680
gcccgacccc gcuaauacu cuucggccua cuccuacuuu ucguaggguu aggccucuuc 7740
cuacucuccg cucgguagag cggcacacac uagguacacu ccuagcuaa cuguuccuuu 7800
uuuuuuuuuu uuuuuuuuu uuuuuuuuu uuuuuuuuu cuuuuuuuuu uuuuuccuc 7860
uuucuuuccu ucuaucuaa uucuaucuu uuucuggug gcuccaucu agcccuaguc 7920
acggcuagcu gugaaagguc cgugagccgc augacugcag agagugccgu aacuggucuc 7980
ucugcagauc augu 7994

```

<210> 9

<211> 340

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: synthetic RNA

<400> 9

```

accugcccu aauagggcg acacuccgcc augaauacu cccugugag gaacuacugu 60
cuucacgcag aaagcgccua gccauggcgu uaguaugu gucguacagc cuccaggccc 120
ccccucccg ggagagccau aguggucugc ggaaccggug aguacaccgg aaugccggg 180
aagacugggu ccuuucugg auaaacccac ucuaugccc gccauuugg cgugcccccg 240
caagacugcu agccgaguag cguuggguug cgaaaggccu ugugguacug ccugauagg 300
cgcuugcgag ugccccggga ggucucguag accgucacc 340

```

<210> 10

<211> 340

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: synthetic RNA

<400> 10

```

accgccccu aauagggcg acacuccgcc augaauacu cccugugag gaacuacugu 60
cuucacgcag aaagcgucua gccauggcgu uaguaugu gucguacagc cuccaggccc 120
ccccucccg ggagagccau aguggucugc ggaaccggug aguacaccgg aaugccggg 180
aagacugggu ccuuucugg auaaacccac ucuaugccc gccauuugg cgugcccccg 240
caagacugcu agccgaguag cguuggguug cgaaaggccu ugugguacug ccugauagg 300

```

ugcuugcgag ugccccggga ggucucguag accgugcacc

340

<210> 11

<211> 236

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: synthetic RNA

<400> 11

agcggcacac acuagguaca cuccauagcu aacuguuccu uuuuuuuuuu uuuuuuuuuu 60
uuuuuuuuuu uuuuuuuuuu uucuuuuuuu uuuuuuuucc uuuuuuuucc cuucucaucu 120
uauucuacuu uuuuuuuugg uggcucauc uuagcccuag ucacggcuag cugugaaagg 180
uccgugagcc gcaugacugc agagagugcc guaacugguc ucucugcaga ucaugu 236

<210> 12

<211> 232

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: synthetic RNA

<400> 12

agcggcacac auuagcuaca cuccauagcu aacuguuccu uuuuuuuuuu uuuuuuuuuu 60
uuuuuuuuuu uuuuuuuuuu uuuuuuuuuu uuucccucu ucuucccuuc ucaucuauuu 120
cuacuuucuu ucuugguggc uccaucuag ccugugcac ggcuaugcugu gaaagguccg 180
ugagccgcau gacugcagag agugccguaa cuggucucuc ugcagaucuu gu 232

<210> 13

<211> 17

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: synthetic DNA

<400> 13

cgggagagcc atagtgg

17

<210> 14

<211> 19

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: synthetic DNA

<400> 14

agtaccacaa ggcctttcg

19

<210> 15

<211> 21

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: synthetic DNA

<400> 15

ctgcggaacc ggtgagtaca c

21

<210> 16

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: synthetic DNA

<400> 16

aacaagatgg attgcacgca

20

<210> 17

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: synthetic DNA

<400> 17

cgtcaagaag gcgatagaag

20

<210> 18

<211> 30

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: synthetic DNA

<400> 18
gcactctctg cagtcatgcg gctcacggac

30

<210> 19
<211> 28
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> Description of Artificial Sequence: synthetic DNA

<400> 19
cccctgtgag gaactactgt cttcacgc

28

<210> 20
<211> 24
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> Description of Artificial Sequence: synthetic DNA

<400> 20
ccgggagagc catagtggtc tgcg

24

<210> 21
<211> 30
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> Description of Artificial Sequence: synthetic DNA

<400> 21
ccactcaaag aaaaagtggtg acgagctcgc

30

<210> 22
<211> 18
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> Description of Artificial Sequence: synthetic DNA

<400> 22
ggcttgggca cggcctga

18

<210> 23
<211> 30
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> Description of Artificial Sequence: synthetic DNA

<400> 23
gcggtgaaga ccaagctcaa actcactcca 30

<210> 24
<211> 21
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> Description of Artificial Sequence: synthetic DNA

<400> 24
agaacctgcg tgcaatccat c 21

<210> 25
<211> 23
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> Description of Artificial Sequence: synthetic DNA

<400> 25
cccgtcatga gggcgctcggg ggc 23

<210> 26
<211> 27
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> Description of Artificial Sequence: synthetic DNA

<400> 26
accagcaacg gtgggcgggtt ggtaatc 27

<210> 27
<211> 18
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: synthetic DNA

<400> 27

ggcacgcgac acgctgtg

18

<210> 28
<211> 30
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: synthetic DNA

<400> 28

agctagccgt gactagggct aagatggagc

30

<210> 29
<211> 20
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence:synthetic
DNA(primer)

<400> 29

aacaagatgg attgcacgca

20

<210> 30
<211> 20
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence:synthetic
DNA(primer)

<400> 30

cgtcaagaag gcgatagaag

20

<210> 31
<211> 30
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> Description of Artificial Sequence:synthetic DNA

<400> 31
gcactctctg cagtcatgcg gctcacggac 30

<210> 32
<211> 28
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> Description of Artificial Sequence:synthetic DNA

<400> 32
cccctgtgag gaactactgt cttcacgc 28

<210> 33
<211> 24
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> Description of Artificial Sequence::synthetic DNA

<400> 33
ccgggagagc catagtggtc tgcg 24

<210> 34
<211> 30
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> Description of Artificial Sequence::synthetic DNA

<400> 34
ccactcaaag aaaaagtgtg acgagctcgc 30

<210> 35
<211> 18

<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence:synthetic
DNA(primer)

<400> 35

ggcttgggca cggcctga

18

<210> 36

<211> 30

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence::synthetic DNA

<400> 36

gcggtgaaga ccaagctcaa actcactcca

30

<210> 37

<211> 21

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence::synthetic DNA

<400> 37

agaacctgcg tgcaatccat c

21

<210> 38

<211> 23

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence::synthetic DNA

<400> 38

cccgtcatga gggcgtcggt ggc

23

<210> 39

<211> 27

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence::synthetic DNA

<400> 39

accagcaacg gtgggcggtt ggtaatc

27

<210> 40

<211> 18

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence::synthetic DNA

<400> 40

ggaacgcgac acgctgtg

18

<210> 41

<211> 30

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

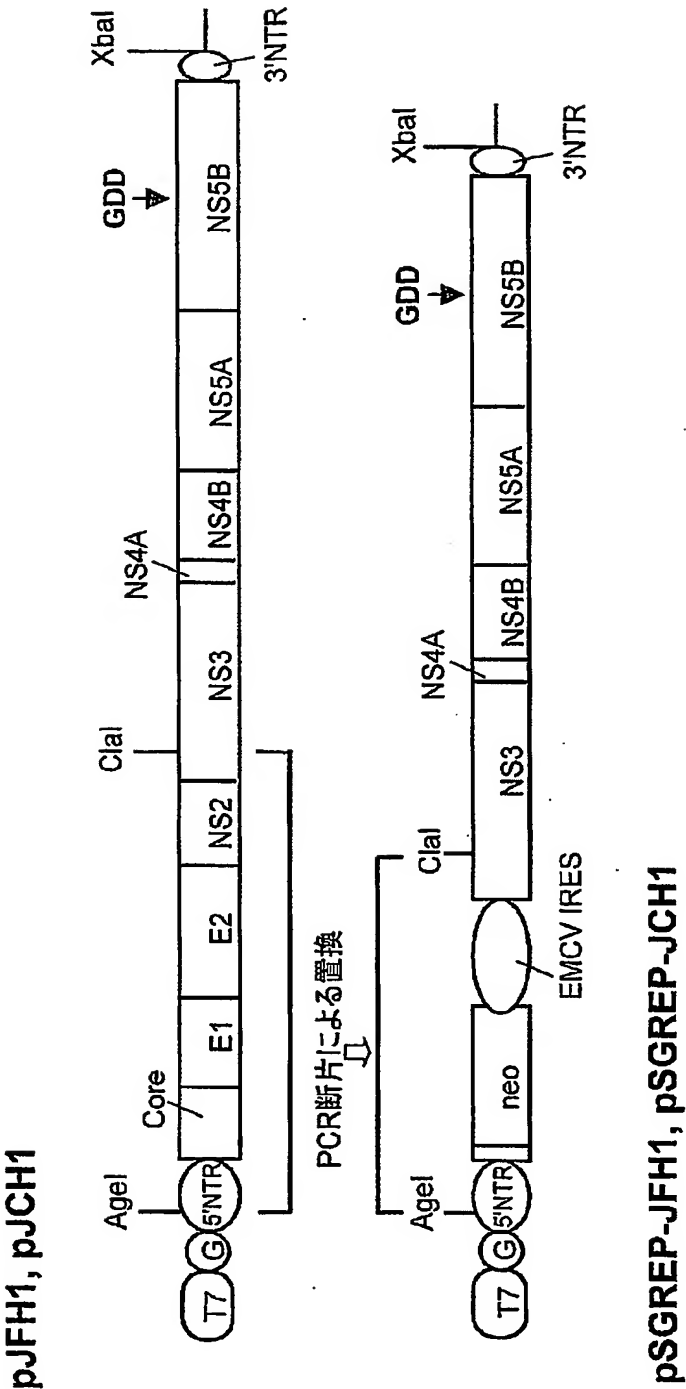
<223> Description of Artificial Sequence::synthetic DNA

<400> 41

agctagccgt gactagggtt aagatggagc

30

【書類名】 図面
【図 1】



【図 2 A】

10	20	30	40	50	60
ACCUGCCCU	AAUAGGGGG	ACACUCGGC	AUGAAUCACU	CCCCUGGAG	GACUACUGU
70	80	90	100	110	120
CUUCACGCG	AAAGGGCUA	GCCAUGGGU	UAGUAUGAGU	GUUGUACAGC	CUCCAGGGCC
130	140	150	160	170	180
CCCCUCCCG	GGAGAGCAU	AGUGGUCUGC	GGAAACGGUG	AGUACACGG	AAUUGCCGGG
190	200	210	220	230	240
ANGACUGGG	CCUUCUUGG	AUAAACCCAC	UCUAUGCCCG	GCCAUUUGGG	CGUGCCCCCG
250	260	270	280	290	300
CAAGACUCU	AGCCGAGUAG	CGUUGGGUG	CGAAAGGCCU	UGUGGUACUG	CCUGAUGGG
310	320	330	340	350	360
CCUUCGCG	GGCCCCGGG	GGUCUCGUG	ACCGUGCACC	AUGAGCACAA	AUCCUAAAC
370	380	390	400	410	420
UCAAGAAAA	ACCAAAAGAA	ACACCAACCG	UCCGCCAUG	AUUGAACAG	AUGGAUUGCA
430	440	450	460	470	480
CGCAGGUUCU	CGGCCCGU	GGUGGAGAG	GCUAUUCCGC	UAUGACUGGG	CACAACAGAC
490	500	510	520	530	540
AAUGGCGGC	UCUGAUGCG	CCGUGUCCG	GCUGUCAGCG	CAGGGCGCC	CGGUCUUUU
550	560	570	580	590	600
UGUCAAGAC	GACCGUGCG	GUGCCCGAA	UGAACUGCAG	GACGAGGCAG	CGCGCUAUC
610	620	630	640	650	660
GUGGCGGCC	ACGACGGCG	UUCUUUGGC	AGCUGUGCUC	GACGUUGUCA	CGAAGCGGG
670	680	690	700	710	720
AAGGACUGG	CUGCUAUDGG	GCGAAGUGCC	GGGSCAGGAU	CUCCUGUCAU	CUCACCUUGC
730	740	750	760	770	780
UCCGCGGAG	AAAGUAUCCA	UCAUGGCUGA	UGCAAUGCGG	CGGCGCAUA	CGCUUGAUCC
790	800	810	820	830	840
GGCUACCGC	CCAUUCGAC	ACCAAGCGAA	ACAUCGCAUC	GAGCGAGCAC	GUACUCGGAU
850	860	870	880	890	900
GGAAGCGGU	CUUGUOGAUC	AGGAUGAUCU	GGACGAAGAG	CAUCAGGGGC	UCCGCCAGC
910	920	930	940	950	960
CGAACUGUUC	GCCAGGCUA	AGGCGCGCAU	GCCCGACGGC	GAGGAUCUCG	UCGUEACCCA
970	980	990	1000	1010	1020
UGGCGAUGCC	UGCUUGCCGA	AUAUCAUGGU	GGAAAUGGC	CGCUUUUCG	GAUUCAUCCA
1030	1040	1050	1060	1070	1080
CUGUGGCCCG	CUGGGUGUGG	CGGACCGUA	UCAGGACAU	GCGUGGCUA	CCCGUAUUAU
1090	1100	1110	1120	1130	1140
UGCUAAGAG	CUUGGGGGCG	AAUGGGCUGA	CCGCUUCCUC	GUGCUUUCG	GUUCCCGGC
1150	1160	1170	1180	1190	1200
UCCCGAUUCG	CAGCGCAUCG	CCUUCUAUCG	CCUUCUUGAC	GAGUUCUUCU	GAGUUUAAC
1210	1220	1230	1240	1250	1260
CCUUCUCCUC	CCCCCCCCU	AACGUUACUG	GCCGAGCCG	CUUGGAUUA	GGCGGUGUG
1270	1280	1290	1300	1310	1320
CGUUGUUCUA	UAUGUUAUUU	UCCACCAUUA	UGCGGUCUUU	UGGCAUUGUG	AGGCCCGGA
1330	1340	1350	1360	1370	1380
AACCUGGCC	UGUCUUCUG	ACGAGCAUUC	CUAGGGGUCU	UCCCCUCUC	GCCAAAGGAA

【図 2 B】

1390	1400	1410	1420	1430	1440
UGCAAGGUCU	GUUGAUGUC	GUGAAGGAAG	CAGUCCUCU	GGAAGCUUCU	UGAAGACAAA
1450	1460	1470	1480	1490	1500
CAACGUCUGU	AGCGACCCUU	UGCAGGCAGC	GGAACCCCCU	ACCUGGCGAC	AGGUGCCUCU
1510	1520	1530	1540	1550	1560
GCGGCCAAAA	GCCACGUGUA	UAAGAUACAC	CUGCAAAGGC	GGCACAAACC	CAGUGCCACG
1570	1580	1590	1600	1610	1620
UUGUGAGUUG	GAUAGUUGUG	GAAGAGUCA	AAUGGCUCUC	CUCAGGCGUA	UUCAACAAGG
1630	1640	1650	1660	1670	1680
GGCUGAAGGA	UGCCGAGAG	GUAOCCCAUU	GUAUGGGAUC	UGAUCUGGGG	CCUOGGUGCA
1690	1700	1710	1720	1730	1740
CAUGCUUUAC	AUGUGUUUAG	UCGAGGUUAA	AAAAAGGUCU	AGGCCCCCGG	AACCAAGGGG
1750	1760	1770	1780	1790	1800
ACGUGGUUUU	CCUUGAAAA	ACAGAGUGAU	ACCAUGGCUC	CCAUCACUGC	UUUAGCCACG
1810	1820	1830	1840	1850	1860
CBAACACGAG	GCCUCCUGGG	CGCCAUAGUG	GUGAGUADGA	CGGGGCGUGA	CAGGACAGAA
1870	1880	1890	1900	1910	1920
CAGGCCGGGG	AGUCCAAAU	CCUGUCCACA	GUCUCUCAGU	CCUUCUCCGG	AACRACCAUC
1930	1940	1950	1960	1970	1980
UOGGGGGUUU	UGUGGACUCU	UUACCACGGA	GCUGGCAACA	AGACUCUAGC	CGGCUUACGG
1990	2000	2010	2020	2030	2040
GGUCCGGUCA	CGCAGAUUA	CUCGAGUGCU	GAGGGGGACU	UGGUAGGCUG	GCCCAGCCCC
2050	2060	2070	2080	2090	2100
CCUGGGACCA	AGUUCUUGGA	GCCGUGCAG	UGUGSAGCCG	UGGACCUAUA	UCUGGUCACG
2110	2120	2130	2140	2150	2160
CGGACCGCUG	ADGUCAUCCC	GGCUCCGAGA	CGCGGGGACA	AGCGGGGAGC	AUUGCUCUCC
2170	2180	2190	2200	2210	2220
CGGAGACCCA	UUUCGACCUU	GAAGGGGUCC	UOGGGGGGGC	CGGUGCUUCG	CCCUAGGGGC
2230	2240	2250	2260	2270	2280
CACGUCGUGG	GGCUCUUCGG	AGCAGCUGUG	UGCUCUOGGG	GCGUGGCCAA	AUCCAUCCAU
2290	2300	2310	2320	2330	2340
UUCAUCCCGG	UUGAGACACU	CGACGUUGUU	ACAAGGUCUC	CCACUUUCAG	UGACAACAGC
2350	2360	2370	2380	2390	2400
ACGCCACCGG	CUGUGCCCCA	GACCUAUCAG	GUOGGGUACU	UGCAUGCUCC	AACUGGCAGU
2410	2420	2430	2440	2450	2460
GGAAAGAGCA	CCAAGGUCCC	UGUCCCGUAU	GCGGCCAGG	GGUACAAGU	ACUAGUGCUU
2470	2480	2490	2500	2510	2520
AACCCCUOOG	UAGCUGCCAC	CCUGGGGUUU	GGGGCGUACC	UAUCCAGGC	ACAUGGCAUC
2530	2540	2550	2560	2570	2580
AAUCCCAACA	UUAGGACUGG	AGUCAGGACC	GUAGUAGCCG	GGGAGGCCAU	CACGUACUCC
2590	2600	2610	2620	2630	2640
ACAUUAGGCA	AAUUUCUCCG	CGAUGGGGGC	UGCGCUAGCG	GCGCCUAUGA	CAUCAUAUA
2650	2660	2670	2680	2690	2700
UGCGAUGAAU	GCCACGCUGU	GGAUGGUAAC	UCCAUCUUCG	GCAUCGGAAC	GGUCCUUGAU
2710	2720	2730	2740	2750	2760
CAGGCAAGAG	CAGCCGGGGU	CAGACUAACU	GUGCUGGCUA	CGGCCACACC	CCCAGGGUCA

【図2C】

2770	2780	2790	2800	2810	2820
GUGACAACCC	CCCAUCCCGA	UAUAGAAGAG	GUAGGCTUCG	GGCGGGAGGG	UGAGAUCCCC
2830	2840	2850	2860	2870	2880
UUCUAUGGGA	GGGCGAUUCC	CCUAUCCUGC	AUCAAGGGAG	GGAGACHCCU	GAUUUUUCUGC
2890	2900	2910	2920	2930	2940
CACUCAAGA	AAAAGUGUGA	CGAGCUCCCG	GCGGCCCTUC	GGGGCAUGGG	CUUGAAUGCC
2950	2960	2970	2980	2990	3000
GUGGCAUACU	AUAGAGGGUU	GGACGUCUCC	AUAAUACCAG	CUCAGGGAGA	UGUGGUGGUC
3010	3020	3030	3040	3050	3060
GUGGOCACCG	ACGCCUCAU	GACGGGGUAC	ACUGGAGACU	UUGACUCCGU	GAUCCACUGC
3070	3080	3090	3100	3110	3120
AAUGUAGCGG	UACCCCAAGC	UGUCGACUUC	AGCCUGGACC	CCACCUACAC	UAUAACCACA
3130	3140	3150	3160	3170	3180
CAGACUGUCC	CACAAGACGC	UGUCUCACGC	AGUCAGCGCC	GCGGGGCGAC	AGGUAGAGGA
3190	3200	3210	3220	3230	3240
AGACAGGGCA	CUUAUAGGUA	UGUUUCCACU	GGUGAAGGAG	CCUCAGGAU	GUUUGACAGU
3250	3260	3270	3280	3290	3300
GUAGUGCUUU	GGGAGUGCUA	CGACGCGGGG	GCGGCGUGGU	ACGAUCUCAC	ACCAGCGGAG
3310	3320	3330	3340	3350	3360
ACCAACGUGA	GGCUUAGAGC	GUUUUUAAC	ACGCCCGGCC	UACCCGUGUG	UCAAGACCAU
3370	3380	3390	3400	3410	3420
CUUGAAUUUU	GGGAGGCGAU	UUUCACCGGC	CUCACACACA	UAGACGCCCA	CUUCCUCUCC
3430	3440	3450	3460	3470	3480
CAACAACAGC	AAGCGGGGGA	GAACUUCGCG	UACCUAGUAG	CCUACCAAGC	UACGGGUGGC
3490	3500	3510	3520	3530	3540
GCCAGAGCCA	AGGCCCUUCC	CCCGUCCGCG	GACGCCADGU	GGAGUGGCCU	GGCCCGACTC
3550	3560	3570	3580	3590	3600
AAGCCUACGC	UUGCGGGGCC	CACACUUCUC	CUGUACCGUU	UGGGCCCUAU	UACCAUUGAG
3610	3620	3630	3640	3650	3660
GUCACCCUCA	CACACUCCGG	GACGAAGUAC	AUUGCCACAU	GCAUGCAGGC	UGACCUUGAG
3670	3680	3690	3700	3710	3720
GUCAUGACCA	GCAUGUGGGU	CCUAGCUGGA	GGAGUCCUGG	CAGCCGUUGC	CGCAUUAUUG
3730	3740	3750	3760	3770	3780
CGGGGAGCTG	GAUGGGUUUC	CAUCAUCGGC	CGCUUGCAGG	UCAACCAGCG	AGUCGUUGUU
3790	3800	3810	3820	3830	3840
GCGCGGGAUA	AGGAGGUCCU	GUUAGAGGCU	UUUGAUGAGA	UGGAGGAAGG	CGCCUCUAGG
3850	3860	3870	3880	3890	3900
GCGGCUUCA	UUGAAGAGGG	GCAGGGGAUA	GCCGAGAUGU	UGAAGUCCAA	GAUCCAAGGC
3910	3920	3930	3940	3950	3960
UDGCUGCAGC	AGGCCUCUAA	GCAGGCCAG	GACAUACAAC	CGCUAUGCA	GGCUUCAUGG
3970	3980	3990	4000	4010	4020
CCCAAAGUGG	AACAAUUUUG	GGCCAGACAC	AUGUGGAACU	UCAUUAGCCG	CAUCCAUAAC
4030	4040	4050	4060	4070	4080
CUCCGCGGAU	UGUCAACACU	GCCAGGGAAC	CCCGGGUGGG	CUUCCAUGAU	GGCAUUCAGU
4090	4100	4110	4120	4130	4140
GCGGCCUCA	CCAGUCUGUU	GUUGACCAGU	ACCAACAUCC	UUCUCAACAU	CAUGGGAGGC

【図 2 D】

4150	4160	4170	4180	4190	4200
UGGUUAGCGU	CCGAGAUCCG	ACCACCCGCG	GGGGCCACCG	GCUUUGUUGU	CAGUGGCTUG
4210	4220	4230	4240	4250	4260
GUGGGGGGUG	CGUGGGGCGG	CAUAGGCCUG	GGUAAGGUGC	UGGUGGACAU	CCUGGCAGGA
4270	4280	4290	4300	4310	4320
UAUGGUGCGG	GCAUUUCGGG	GGCCUCUGUC	GCAUUCAGGA	UCADGUCUGG	CGAGAAGCCC
4330	4340	4350	4360	4370	4380
UCUAUGGAAG	AUGUCAUCAA	UCUACUGCCU	GGGAUCCUGU	CUCGGGGAGC	CCUGGUGGUG
4390	4400	4410	4420	4430	4440
GGGGUCACUC	GCGGGGCCAU	UCUGCGCGCG	CACGUGGAGC	CGGGGGAGGG	CGCGGUCCAA
4450	4460	4470	4480	4490	4500
UGGAUGAACA	GGCUUATUGC	CUUUGCUUCC	AGAGGAACCT	ACGUOGCCCC	UACUCACUAC
4510	4520	4530	4540	4550	4560
GUGACGGAGU	CGGAUGCGUC	GCAGCGUGUG	ACCCACUAC	UUGGCUCUCU	UACUAUACCC
4570	4580	4590	4600	4610	4620
AGCCUACUCA	GAAGACUCCA	CAAUUGGAUA	ACUGAGGACU	GCCCCAUCCC	AUGCUCCGGA
4630	4640	4650	4660	4670	4680
UCCUGGCUC	GCGACGUGUG	GGACUGGGUU	UGACCAUCCU	UGACAGACUU	CAAAAUUGG
4690	4700	4710	4720	4730	4740
CUGACUCUA	AAUUGUUCCC	CAAGCUGCCC	GGCCUCCCUU	UCAUUCUUGG	UCAAAGGGG
4750	4760	4770	4780	4790	4800
UACAAGGGUG	UGUGGGCCGG	CACUGGCACU	AUGACCAAGC	GCUGCCCUUG	CGGCGCCAC
4810	4820	4830	4840	4850	4860
AUCUCUGGCA	AUGUCGGCCU	GGCCUCUAGG	AGGAUCACAG	GGCCUAAAAC	CUGCAUGAAC
4870	4880	4890	4900	4910	4920
ACCUGGCAGG	GGACCUUUC	UAUCAAUUGC	UACUGGAGG	GCCAGUGGCG	GCCGAAACCC
4930	4940	4950	4960	4970	4980
CCCACGAACU	ACAAGACCGC	CAUCUGGAGG	GUGGGGGCCU	CGGAGUAGCG	GGAGGUGAGG
4990	5000	5010	5020	5030	5040
CAGCAUGGGU	CGUACUCCUA	UGUAACAGGA	CUGACCACTG	ACAACUGGAA	AAUUCUUGC
5050	5060	5070	5080	5090	5100
CACUACCCU	CUCCAGAGUU	UUUCUCCUGG	GUGGACGGUG	UGCAGAUCCA	UAGGUUUGCA
5110	5120	5130	5140	5150	5160
CCCACACCAA	AGCCGUUUUU	CGGGGAGGAG	GCCUCGUUCU	GCGUUGGGCU	UAAUUCUUAU
5170	5180	5190	5200	5210	5220
GCUGUCGGGU	CCGAGCUUCC	CUGUGAACTU	GAGCCCGACG	CAGACGUATU	GAGGUCCAUU
5230	5240	5250	5260	5270	5280
CUAACAGAUU	CGCCCCACAU	CACGGGCGAG	ACUGCGGCGC	GCGCUGGGC	ACGGGGAUCA
5290	5300	5310	5320	5330	5340
CCUCCAUCUG	AGGCGAGCUC	CUCAGUGAGC	CAGCUAUCAG	CACCGUCUCU	GCGGGCCACC
5350	5360	5370	5380	5390	5400
UGCACACCCC	ACAGCAACAC	CUAUGACGUG	GACAUGGUUG	AUGCCACCCU	GCUCAUGGAG
5410	5420	5430	5440	5450	5460
GGGGUGUGGG	CUACAGACGA	GCCUGAGUCC	AGGGUGCCCG	UUUGGAGUUU	UUCUGAGCCA
5470	5480	5490	5500	5510	5520
AUGGCCGAGG	AAGAGAGCGA	CCUUGAGCCC	UCAUAACCAU	CGGAGUGCAU	GCUCGCCAGG

【図 2 E】

5530 5540 5550 5560 5570 5580
AGCGGGUUUC CACGGGCCUU ACCGGCUUGG GCACGGCCUG ACTACACACC GCCGCUUGUG
5590 5600 5610 5620 5630 5640
GAAUCGUGGA GGAGGCCAGA UUAACAACCG CACACCGUUG CUGGUUGUGG UCUCCCCCCC
5650 5660 5670 5680 5690 5700
CCCAAGAAGG CCCCAGCGCC UCCCCAAGG AGACGCGGGA CAGUGGGUCU GAGCGAGAGC
5710 5720 5730 5740 5750 5760
ACCAUAUCAG AAGCCUCCA GCAACUGGCC AUCAAGACCU UUGGCCAGCC CCCCUCGAGC
5770 5780 5790 5800 5810 5820
GGUGAUGCAG GCUUGUCCAC GGGGGCGGGC GCGCGGAAU CCGGCGGUCC GACGUCUUU
5830 5840 5850 5860 5870 5880
GGUGAGCCGG CCCCCUCAGA GACAGGUUCC GCCUCCUUA UGCCCCUUU CGAGGGGGAG
5890 5900 5910 5920 5930 5940
CCUGGAGAUU CCGACUUGGA GUCUGAUCAG GUAGAGCUUC AACCUCCCC CCAGGGGGGG
5950 5960 5970 5980 5990 6000
GGGUAGCUUC CCGGUUCGGG CUCGGGGUCU UGGUCUACUU GCUCCGAGGA GGACGAUACC
6010 6020 6030 6040 6050 6060
ACGUGUGGUU GCUCCAUGUC AUACUCCUGG ACCGGGGCUC UAAUAACUCC CUGUAGCCCC
6070 6080 6090 6100 6110 6120
GAAGAGGAAA AGUUGCCAAU CAACCCUUUG AGUAACUCCG UGUUGCGAUA CCAUAACAAG
6130 6140 6150 6160 6170 6180
GUGUACUGUA CAACAUCAAA GAGCGCCUCA CAGAGGGCUA AAAAGGUAAC UUUUGACAGG
6190 6200 6210 6220 6230 6240
ACGCAAGUGC UGACGCCCCA UUAUGACUCA GUCUUAAGG ACAUCAGCU AGCGGCUUCC
6250 6260 6270 6280 6290 6300
AAGGUCAGCG CAGGCUUCU CACCUUGGAG GAGGCGUCC AGUUGACUCC ACCCCAUUCU
6310 6320 6330 6340 6350 6360
GCAAGAUCCA AGUAUGGAU CCGGGCCAAG GAGGUCCGA GCUUGUCGG GAGGGCCGUU
6370 6380 6390 6400 6410 6420
AACCAUCAUA AGUCCGUGUG GAGGACCUUC CUGGAAGACC CACAAACACC AAUUCACCA
6430 6440 6450 6460 6470 6480
ACCAUCAUGG CCAAAAUAUA GGUGUUCUGC GUGGACCCCG CCAAGGGGG UAAGAAACCA
6490 6500 6510 6520 6530 6540
GCUCCGCCUA UCGUUUACCC UGACCUCCGC GUCCGGGUCU GCGAGAAAU GGCCCUCAU
6550 6560 6570 6580 6590 6600
GACAUACAC AAAAGCUUCC UCAGGCGGUA AUGGGAGCUU CCUAUGGCUU CCAGUACUCC
6610 6620 6630 6640 6650 6660
CCUGCCAC CCGUGGAGUA UCUCUGAAA GCAUGGGCGG AAAAGAAGGA CCCC AUGGGU
6670 6680 6690 6700 6710 6720
UUUUGUAUG AUACCGAUG CUUOGACUCA AOCGUCACUG AGAGAGACAU CAGGACCGAG
6730 6740 6750 6760 6770 6780
GAGUCCAUU ACCAGCCUG CUCCUCCCC GAGGAGGCC GCACUGCCAU ACACUCGUG
6790 6800 6810 6820 6830 6840
ACUGAGAGAC UUAUGUAGG AGGGCCAUG UUAACAGCA AGGGUCAAAC CUGCGSUUC
6850 6860 6870 6880 6890 6900
AGACGUUGCC GCGCCAGCG GGUGCUAAC ACUAGCAUG GUACACCAU CACAUCCAU

【図 2 F】

6910	6920	6930	6940	6950	6960
GUGAAAGCCC	UAGGGGCCUG	CAAGGCUGCG	GGGAUAGUUG	CGCCCAAAU	GCUGGUUAGC
6970	6980	6990	7000	7010	7020
GGCGAUGACC	UAGUAGUCAU	CUCAGAAAGC	CAGGGGACUG	AGGAGGAGCA	GCGGAACUGG
7030	7040	7050	7060	7070	7080
AGAGCCUUCA	CGAGGGCCAU	GACCAGGUAC	UCUGCCCCUC	CUGGUGADCC	COCCAGACCG
7090	7100	7110	7120	7130	7140
GAAUAUGACC	UGGAGCUAAU	AACAUCUGU	UCCUCAAAUG	UGUCUGUGGC	GUUGGGCCCG
7150	7160	7170	7180	7190	7200
CGGGGCCGCC	GCAGAUACTA	CCUGACCAGA	GACCCAACCA	CUCCACUCCG	CGGGCUGCCG
7210	7220	7230	7240	7250	7260
UGGGAACACG	UUAGACACUC	CCCUAUCAAU	UCAUGGCUGG	GAAACAUCAU	CCAGUAUGCU
7270	7280	7290	7300	7310	7320
CCAAACCAUAU	GGGUUCGCAU	GGUCCUAUUG	ACACACTUCU	UCUCCAUCUC	CAUGGUCCAA
7330	7340	7350	7360	7370	7380
GACACCCUGG	ACCAGAACCU	CAACUUGAG	AUGUAUGGAU	CAGUAUACUC	CGUGAAUCCU
7390	7400	7410	7420	7430	7440
UUGGACCUUC	CAGCCAUAUU	UGAGAGGUUA	CACGGGCUUG	AAGCCUUCUC	UAUGCACACA
7450	7460	7470	7480	7490	7500
UACUCUACCC	ACCAACUGAC	GCGGGUGGCU	UCAGCCUCCA	GAAAACUUGG	GGCGCCACCC
7510	7520	7530	7540	7550	7560
CUCAGGGUGU	GGAAGAGUUG	GGCUCCGCGA	GUCAGGCGGU	CCCUCAUCCU	CGUGGAGGGG
7570	7580	7590	7600	7610	7620
AAAGCGGCGG	UUUGCGGCGG	ACAUUCUUC	AAUUGGGGGG	UGAAGACCAA	GCUCAAACTC
7630	7640	7650	7660	7670	7680
ACUCCAUTGC	CGGAGCGCGG	CCUACUGGAC	UUAUCCAGUU	GGUCCACCGU	CGGCGCCGGC
7690	7700	7710	7720	7730	7740
GGGGGCGACA	UUUUUCACAG	CGUGUCGCGC	GCCCGACCCC	GCUCAUUACU	CUUCGGCCUA
7750	7760	7770	7780	7790	7800
CUCUACUUUU	UCGUAGGGGU	AGGCCUCUUC	CUAUCUCCCG	CUCGGUAGAG	CGGCACACAC
7810	7820	7830	7840	7850	7860
UAGGUACACU	CCAUAGCUAA	CGUUCUUUU	UUUUUUUUUU	UUUUUUUUUU	UUUUUUUUUU
7870	7880	7890	7900	7910	7920
UUUUUUUUUU	CUUUUUUUUU	UUUUUCCUUC	UUUCUCCUUC	UCUCAUCUUA	UUUCAACUUC
7930	7940	7950	7960	7970	7980
UUUCUUGGUG	GUCCAUCUU	AGCCCUAGUC	ACGGCUAGCU	GUGAAAGGUC	CGUGAGCCGC
7990	8000	8010	8020	8030	8040
AUGACUCGAG	AGAGUGCCGU	AACUGGUCUC	UCUGCAGAUC	AUGU	

【図 3 A】

30 20 30 40 50 60
ACCCGCCCCU AAUAGGGGCG ACACUCCGCC AUGAAUCACU CCCUGUGAG GAACUACUGU
70 80 90 100 110 120
CUUCACGCAG AAAGCGUCUA GCCAUGGCGU UAGUAUGAGU GUUGUACAGC CUCCAGGCCC
130 140 150 160 170 180
CCCCCUCGCG GGAGAGCCAU AGUGGUCGCG GGAACCGGUG AGUACACCGG AAUUGCCGGG
190 200 210 220 230 240
AAGACUGGGU CCUUCUCUGG AUAAACCCAC UCUAUGCCCG GCCAUUUGGG CGUGCCCCCG
250 260 270 280 290 300
CAAGACUGCU AGCCGAGUAG CGUUGGGUUG CGAAAGGCGU UUGGUUACUG CCUGAUAGGG
310 320 330 340 350 360
UGCUUGCGAG UGCCCCGGGA GGUCUCGUAG ACCGUGCACC AUGAGCACAA AUCCCAAACC
370 380 390 400 410 420
UCAAGAAAA ACCAAAGAA ACACUAAACG UCGCCCAUUG AUUGAACAG AUGGAUUGCA
430 440 450 460 470 480
CGCAGGUUCU CGGCGCGCUU GGGUGGAGAG GCUAUUOGGC UAUGACUGGG CACAACAGAC
490 500 510 520 530 540
AAUUGGCGUC UCUAUGCCG CGUGUUCUG GCGUGACGG CAGGGGCGCC CGGUUCUUUU
550 560 570 580 590 600
UGUCAAGACC GACCUGUCGG GUGCCGUGAA UGAACUGCAG GACGAGGCAG CGCGGCUAUC
610 620 630 640 650 660
GUGGCGUGCC AGCAGCGGCG UUCUUGGCG AGCUGUGCUC GAUGUUGUA CUGAAGCGGG
670 680 690 700 710 720
AAGGGACUGG CUGCUAUUGG GCGAAGUGCC GGGCGAGGAG CUCCUGUCAU CUCACCUUGC
730 740 750 760 770 780
UCCUGCGAG AAAGURUCCA UCAUGGCGUA UGCAUUGCG CGGCUGCAUA CGCUUGAUCC
790 800 810 820 830 840
GGCUACCGUC CCAUUGGACC ACCAAGGAA ACAUUGCAUC GAGCGAGCAC GUACUCGGAU
850 860 870 880 890 900
GGAAGCGCGU CUUGUGCAUC AGGAUGAUCU GGAAGAGAG CAUCAGGGGC UCGCGCCAGC
910 920 930 940 950 960
CGAACUGUUC GCGAGGCUCA AGGCGCGCAU GCGCGACGGC GAGGAUCUUG UCGGACCCA
970 980 990 1000 1010 1020
UGGCGAUGCC UGCUUGCCGA AUUAUUGGU GGAAAUUGGC CGCUUUCUG GAUUCAUCA
1030 1040 1050 1060 1070 1080
CGGUGGCGCG CGGGUGUGG CCGACCGUA UCAGGACUA GCGUUGGUA CCGUGAUUU
1090 1100 1110 1120 1130 1140
UGCUAAGAG CUUGGGGCG AAUGGCGUA CCGUUCUC GUGCUUACG GUUUCGCGC
1150 1160 1170 1180 1190 1200
UCCGAUUCG CAGCGCAUCG CCUUCUAUCG CCUUCUUGAC GAGUUCUUCU GAGUUUAAAC
1210 1220 1230 1240 1250 1260
CCUCUCCUUC CCCCCCCC AAGGUUACUG GCGAAGCG CUUGGAUUA GCGCGGUGUG
1270 1280 1290 1300 1310 1320
CGUUGUCUA UAGUUUUAU UCCACCAUA UGCGUCUUC UGCAAGUG AGGCGCCGA
1330 1340 1350 1360 1370 1380
AACUUGGCC UGUCUUCUG ACAGCAUUC CUAGGGGUCU UUCUUCUC GCGAAGGAA

【図 3 B】

1390	1400	1410	1420	1430	1440
UGCAAGGUCU	GUUGAAGUC	GUGAAGGAAG	CAGUUCUCU	GGAGGCUUCU	UGAAGACAAA
1450	1460	1470	1480	1490	1500
CAAGGUCUGU	AGCGACCCUU	UGCAGGCAGC	GGAACCCCC	ACCUGGCGAC	AGGUGCCUCU
1510	1520	1530	1540	1550	1560
GCGGCCAAAA	GCCACGUGUA	UAAGAUACAC	CUGCAAAGGC	GGCACACCCC	CAGUGCCACG
1570	1580	1590	1600	1610	1620
UUGUGAGUUG	GAUAGUUGUG	GAAAGAGUCA	AAUGGCUCUC	CUCAAGCGUA	UUCAACAAGG
1630	1640	1650	1660	1670	1680
GGCUGAAGGA	UGCCCAGAAG	GUACCCCAUU	GUUGGGGauc	UGAUCUGGGG	CCUCGGUGCA
1690	1700	1710	1720	1730	1740
CAUGCUUUAU	AUGUGUUAAG	UCGAGGUUAA	AAAAACGUCU	AGGCCCCCCG	AACCAAGGGG
1750	1760	1770	1780	1790	1800
AAGUGGUUUU	CUUUGAAAA	ACACGAUAAU	ACCAAGGGCC	CCAUCACCGC	UUACGCCCAG
1810	1820	1830	1840	1850	1860
CAGACACGAG	GUCUCUUGGG	CUCUAUAGUG	GUGAGCAUGA	CGGGGCGUGA	CAAGACAGAA
1870	1880	1890	1900	1910	1920
CAGGCCGGGG	AGGUCCAAGU	CCUGUCCACA	GUCACUCAGU	CCUUCUUGG	AACAUCCAUU
1930	1940	1950	1960	1970	1980
UCGGGGGUCU	UAUGGACUGU	UUACCACGGA	GCUGGCAACA	AGACACUAGC	CGGCUCGGGG
1990	2000	2010	2020	2030	2040
GGCCCGGUGA	CGCAGAUGUA	CUCCAGCGCC	GAGGGGGACU	UGGUUGGGUG	GCCCAGCCCU
2050	2060	2070	2080	2090	2100
CGUGGGACCA	AAUCUUUGGA	GGCGUGUAGG	UGUGGAGCGG	UOGACCGUA	UUUGGUCAGG
2110	2120	2130	2140	2150	2160
CGGAAAGCUG	AUGUCAUCCC	GGCUUGAAGA	CGCGGGGACA	AGCGGGGAGC	GCUGCUCUCC
2170	2180	2190	2200	2210	2220
CCGAGACCCC	UUUOGACCUU	GAAGGGGUCC	UCGGGGGGAC	CUGUGCUUUG	CCCUAGGGGC
2230	2240	2250	2260	2270	2280
CACGCUGUUG	GAUCUUUCCG	GGCAGCUGUG	UGCUCUUGGG	GUGUGGCUAA	GUCCAUAAGU
2290	2300	2310	2320	2330	2340
UUCAUCCCGG	UUAGAGCGCU	CGACAUCGUC	ACCGCGUCUC	CCACCUUUAU	UGACAACAGC
2350	2360	2370	2380	2390	2400
ACACCAACAG	CUGUGCCCCA	GACCUAUCAG	GUGGGGUACU	UGCACGCCCC	CACUGGCAGU
2410	2420	2430	2440	2450	2460
GGAAAAAGCA	CCAAGGUCCC	CGUGCGGUAC	CCCGCCACAG	GGUAUAAAGU	CCUGGUGCUC
2470	2480	2490	2500	2510	2520
AAUCCCUCCG	UGGCUGCCAC	CCUGGGAUUU	GGGGCGUACU	UGUOCAGGC	ACAUGGCAUC
2530	2540	2550	2560	2570	2580
AACCCCAACA	UUAGGACUGG	AGUCAGANCU	GUGACGACCG	GGGAGCCCAU	UACAUAUCC
2590	2600	2610	2620	2630	2640
ACCUAUGGUA	AAUCCCUCCG	CGAUGGGGGC	UGGCGAGGCG	GCGCCUAUGA	CAUCAUAUA
2650	2660	2670	2680	2690	2700
UGGGAUGAAU	GCCACCCUGU	GGUUGCUACC	ACUAUUCUUG	GCAUCGGGAC	AGUCCUUGAC
2710	2720	2730	2740	2750	2760
CAGCAGAGA	CAGCGGGGU	CAGGCUAACU	GUACUGCCCA	CGGCCACGCC	CCCCGGGUCG

【図 3 C】

2770	2780	2790	2800	2810	2820
GUGACAAACOC	COCAUCCCAA	UAUAGAGGAG	GUAGCCUUCG	GACAGGAGGG	UGAGAUCCCC
2830	2840	2850	2860	2870	2880
UUCUAUGGGA	GGGCGUUUCC	CCUSUCUUAC	AUCAAGGGAG	GGAGGCACUU	GAUUUUUCGC
2890	2900	2910	2920	2930	2940
CACUCAAGA	AAAAGUGUGA	CGAGCUCCGA	ACGGCCCUUC	GGGGCAUGGG	CUUGAAACGU
2950	2960	2970	2980	2990	3000
GUGGCAUAUU	ACAGAGGGUU	GGACGUCCCC	AUAAUACCAA	CUCAAGGAGA	UGUGGUGGUC
3010	3020	3030	3040	3050	3060
GUUGCCACCG	AAGCCUCCAU	GACGGGGUAA	ACUGGAGACU	UUGACUCUGU	GAUCCAGUCG
3070	3080	3090	3100	3110	3120
AACGUAGCGG	UACCCAGGC	CGTAGACUUC	AGCCUGGACC	CCACCUUAC	UAUAACCACA
3130	3140	3150	3160	3170	3180
CAGACUGUCC	CGCAAGAGCG	UGUCUACGU	AGUCAGCGCC	GAGGGGCGAC	GGGUAGAGGA
3190	3200	3210	3220	3230	3240
AGACUGGGCA	UUUAUAGGUA	UGUUUCCACU	GGUGAGCGAG	CCUCAGGAAU	GUUUGACAGU
3250	3260	3270	3280	3290	3300
GUAGUACUCU	GUGAGUCUA	CGACGCAGGA	GCUGCUUGGU	AUGAGCUCC	ACCAGUGGAG
3310	3320	3330	3340	3350	3360
ACGACCGUCA	GGCUCAGGGC	GUUUUCAAAC	ACGCCUGGCU	UGCCUGUGUG	CCAGGAACAC
3370	3380	3390	3400	3410	3420
CUUGAGUUUU	GGGAGGCAGU	UUUACCGGC	CUACACACA	UAGAGCCUCA	UUUCCUUUCC
3430	3440	3450	3460	3470	3480
CAGACAAAGC	AGUCGGGGGA	AAAUUUUGCA	UACUUAGUAG	CCUACAGGC	CACAGUGGUC
3490	3500	3510	3520	3530	3540
GCCAGGGCCA	AAGGCGCCCC	CCGUCCUGG	GAGGUCAUGU	GGAGUGGCU	GACUGGACUC
3550	3560	3570	3580	3590	3600
AAGCCCAAGC	UUGUGGGGCC	UACACCUUC	CUGUACCGUU	UGGGCUUGU	UACCAACGAG
3610	3620	3630	3640	3650	3660
GUACCCCUUA	CAACCCCGU	GACAAAUAAC	AUCCGCCAU	GCAUGCAGC	UGACCUCCAG
3670	3680	3690	3700	3710	3720
GUCAUGACCA	GCACGUGGGU	CCUGGCUGGG	GGAGUCUAG	CAGCCGUUGC	CGCGUAUUGC
3730	3740	3750	3760	3770	3780
UUAGCGAACC	GGUGUGUUUC	CAUCAUUGGC	CGUUUACACA	UCAACAGCG	AGCUGUCGUC
3790	3800	3810	3820	3830	3840
GCUCGGGACA	AGGAGGUCCU	CUAGGAGGCU	UUUGAUGAGA	UGGAGGAUUG	UGCCUCCAGA
3850	3860	3870	3880	3890	3900
GCGGCUCUCC	UUGAGAGGGG	GCAGCGGAUA	GCCGAGAUCC	UGAAGUCCAA	GAUCCAAGGC
3910	3920	3930	3940	3950	3960
UUUUUGCAGC	AAGCCUCUAA	ACAGGCCCAG	GACAUACAA	CCGCUUGGCA	AGCUUCGUGG
3970	3980	3990	4000	4010	4020
CCCAAGAUUG	AGCAAUUCUG	GGCCAAACAU	AUGUGGAACU	UCAUAAGGGG	CAUUCAGUAC
4030	4040	4050	4060	4070	4080
CUUGCAGGAC	UGUACACACU	GCCAGGGAAC	CCUGCUUGGG	CUUCCAUGAU	GCAUUCAGC
4090	4100	4110	4120	4130	4140
GCGGCCUCA	CCAGUCUGUU	GUCAACUAGC	ACCACCAUCC	UUUUUAAAU	UCUUGGGGGC

【図 3 D】

4150	4160	4170	4180	4190	4200
UGGCUGGGCU	CCCAAUUGC	GCCACCCGCG	GGGGCCACUG	GCUUUGUUGU	CAGUGGCCUG
4210	4220	4230	4240	4250	4260
GUGGGAGCUG	CUGUUGGCAG	CAUAGGCUUG	GGUAAAGUGC	UGGUGGACAU	CCUGGCAGGG
4270	4280	4290	4300	4310	4320
UAUGGUGGGG	GCAUUUCGGG	GGCCCUUGUC	GCGUUUAAGA	UCAUGUCUGG	CGAGAAGCCC
4330	4340	4350	4360	4370	4380
UCCAUGGAGG	AGUCAUCAA	CUUGCUGCCU	GGGAUUCUGU	CUCCAGGUGC	UCUGGUGGUG
4390	4400	4410	4420	4430	4440
GGAGUCAUCU	GCGGGCCCAU	UCUGCGCCGC	CAUGUGGGAC	CGGGGAAGG	CGCGGUCCAA
4450	4460	4470	4480	4490	4500
UGGAUGAACA	GGCUUUCGCG	CUUCGCUUCC	AGAGGAAACC	ACGUCGCCCC	UACUCACUAC
4510	4520	4530	4540	4550	4560
GUGACGGAGU	CGGAUGCGUC	GCAGCGUGUC	ACCCACUGGC	UUGGCUCUCU	CACUAUAACU
4570	4580	4590	4600	4610	4620
AGUCUAUCCA	GGAGACUCCA	CAACUGGAUC	ACUGAGGAUU	GCCCCAUCCC	AUGGCGCGGC
4630	4640	4650	4660	4670	4680
UUGUGGCUCC	GCGAUGUGUG	GGACUGGGUC	UGUACCAUCC	UAACAGACUU	UAAGAACUGG
4690	4700	4710	4720	4730	4740
CUGACCCCCA	AGCGUUCUCC	AAAGAUGCCU	GGCCUCCCCU	UUAUCCUUG	CCAAAAGGGG
4750	4760	4770	4780	4790	4800
UACAAGGGCG	UGUGGGCCGG	CACUGGCAUC	AGGACCACAC	GAUGCCUUG	CGGCGCCAAC
4810	4820	4830	4840	4850	4860
AUCUCUGGCA	ACGUCGCUU	GGGCUUAUG	AGAAUCACAG	GACCCAAAC	CUGCAUGAAC
4870	4880	4890	4900	4910	4920
ACUGGCGAGG	GGACCUUCC	UAUCAUUGU	UAUACAGAAG	GCCAGUGCUU	GCCGAAACCC
4930	4940	4950	4960	4970	4980
GCGUUAACU	UCAAGACCGC	CAUCUGGAGA	GUGGGCGCCU	CAGAGUACGC	GGAAGUGACG
4990	5000	5010	5020	5030	5040
CAGCACGGAU	CAUAUGCCUA	UAUAACAGGG	CUGACCACUG	ACAACUAAA	AGUCCCUUGC
5050	5060	5070	5080	5090	5100
CAACUCCCU	CUCCAGAGUU	UUUCUUCUGG	GUGGACGGAG	UACAAUCCA	UAGGUCCGCC
5110	5120	5130	5140	5150	5160
CCCACACCAA	AGCCGUUUUU	CGGGGAUGAG	GUCUUGUCCA	GCGUUGGGCU	CRAUUCAUUU
5170	5180	5190	5200	5210	5220
GUCGUUGGGU	CUCAGCUUCC	CUGUGACCCU	GAGCCCGACA	CUGAGGUAGU	GAUGUCCAUG
5230	5240	5250	5260	5270	5280
CUAACAGACC	CAUCCAUUU	CACGSGGAG	GCUGCAGGCG	GGCGUUUAGC	GCGGGGCUCA
5290	5300	5310	5320	5330	5340
CCCCCAUUG	AGGCAAGCUC	CUCAGGAGC	CAGCUGUGCG	CGCCAUCGCU	GCGAGCCACC
5350	5360	5370	5380	5390	5400
UGCACCACCC	ACGGUAGGAC	CUAUGAUGUG	GACAUGGUGG	AUGCCARCCU	GUUCAUGGG
5410	5420	5430	5440	5450	5460
GGCGGCGUGA	UUCGGAUAGA	GUCUGAGUCC	AAAGUGGUGG	UUCUGGACUC	CCUCGACUCA
5470	5480	5490	5500	5510	5520
AUGACCGAGG	AAGAGGGCGA	CCUUGAGCCU	UCAGUACCAU	CGAGUAUAU	GCUCCCGAGG

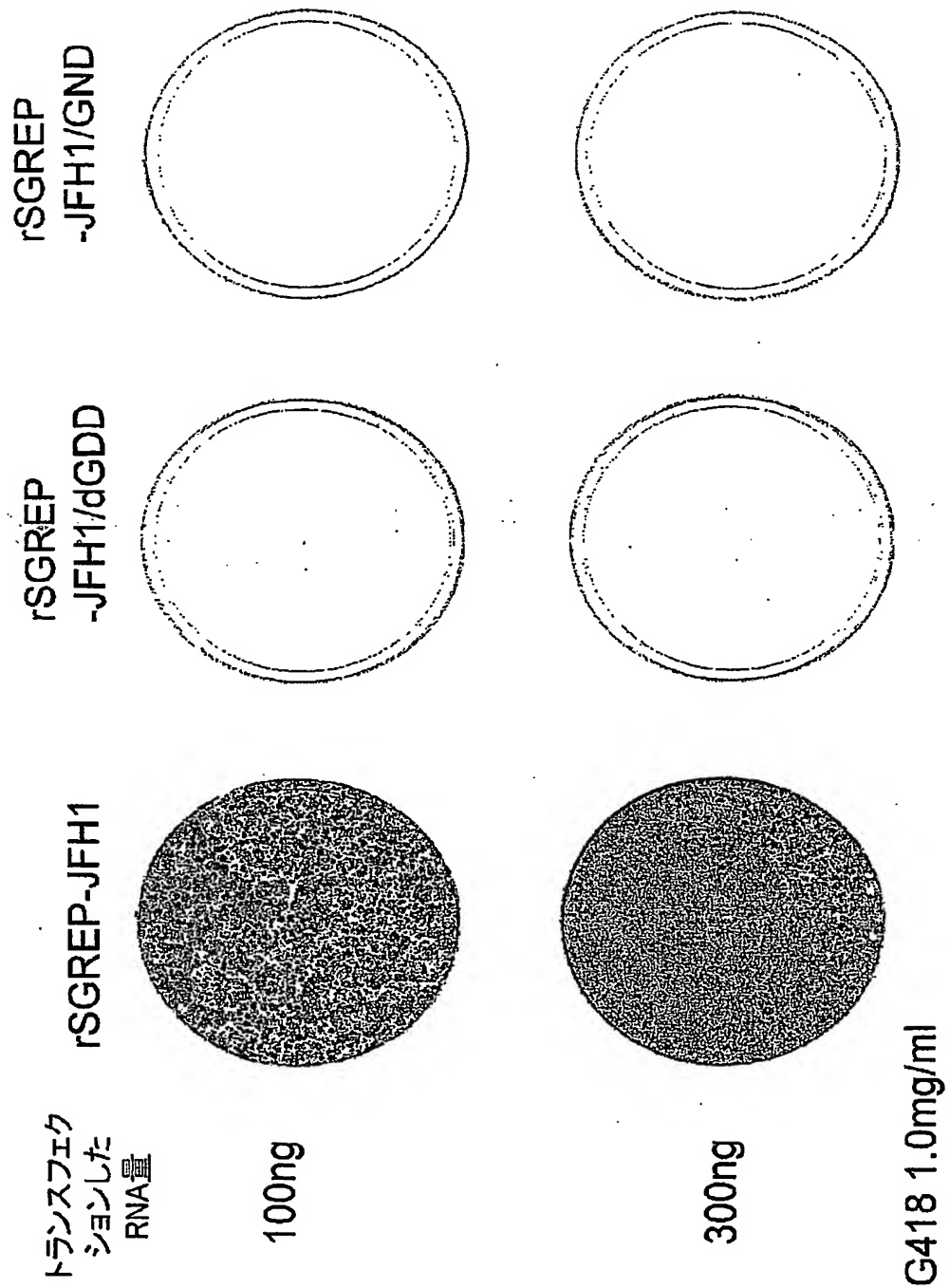
【図 3 E】

5530 5540 5550 5560 5570 5580
AAGAGGUUCC CAQCGGCCUU ACCGGCUUGG GCGGGGCCUG AUUACAACCC ACCGCUUGGG
5590 5600 5610 5620 5630 5640
GAUUCGUGGA AGAGGCCAGA UUAACAACCA CCCACUGUUG CGGGCUGUGC UCUCCCCCCC
5650 5660 5670 5680 5690 5700
CCCAAAAGA CCGGAGGCC UCUCCAAGG AGACGCCGGA CAGUGGGUCT GAGCGAGAGC
5710 5720 5730 5740 5750 5760
ACCAUAGGAG AUGGCCUCCA ACAGCUGGCC AUCAAGUCCU UUGGCCAGCC CCCCCAAGC
5770 5780 5790 5800 5810 5820
GGGAAUUCAG GCCUUUCAC GGGGGCGGAC GCGCGGACU CCGCGCAUUG GACACCCCCU
5830 5840 5850 5860 5870 5880
GAGGAGUUGG CUCUUUGGA GACAGGUUCU ACCUCCUCCA UGCCCCCUU CGAGGGGGAG
5890 5900 5910 5920 5930 5940
CCUGGGGACC CAGACCUUGA GCGAGAGCAG GUAGAGCUUC AACCUCCUC CCAGGGGGGG
5950 5960 5970 5980 5990 6000
GAGGCGGUC COGGCUUGA CUOGGGGUCC UGGUUAUUCU GCUCCGAGGA GGAGGACUCC
6010 6020 6030 6040 6050 6060
GUUGGUGUCU GCUCCAUGUC AUUUUCCUG ACCGGGGCUC UAUUACUCC UUGUAGCCCC
6070 6080 6090 6100 6110 6120
GAGGAGGAAA AGUUGCCAUU UAACUCCUUG AGCAACUCGC UGUUGCGAUA CCAUAACRAG
6130 6140 6150 6160 6170 6180
GUUAUCUGUA CUACAUCAAA GAGUGCCUCA CUAGGGGCUA AAAAGGUUAC UUUUGAUAGG
6190 6200 6210 6220 6230 6240
AUGCAAGUGC UCGAGGCCUA UUAUGAUUCA GUCUUAAGG ACAUACAGCU AGCGGCCUCC
6250 6260 6270 6280 6290 6300
AAGGUCAGCG CAAGGCUCCU CACCUUAGAG GAGGCGUGGC AAUUGACCC ACCCCACUCU
6310 6320 6330 6340 6350 6360
GCAAGAUCCA AGUAUGGGUU UGGGGCUAAG GAGGUCCGCA GCUUGUCCGG GAGGGCCGUC
6370 6380 6390 6400 6410 6420
AAACACAUA AGUCCGUGUG GAAGGACUUC UUGGAGAGCU CACAAACACC AAUUCUACA
6430 6440 6450 6460 6470 6480
ACCAUCAUG CCAAAAUAGA GGUGUUCUGC GUAGACCCCG CCAAGGGGGG UAAAAACCA
6490 6500 6510 6520 6530 6540
GCUCCGCCUA UCGUUUACCC UGACCUCCGC GUCAGGGUUC GCGAGAGAU GGCCCUUUAU
6550 6560 6570 6580 6590 6600
GAGGUCACAC AAAAGCUUC UCAGGCGGUG AUGGGGGCUU CUUAUGGCUU CCAGUACUCC
6610 6620 6630 6640 6650 6660
CCCGCUCAGC GGGUGGAGUU UCUCUGAAG GCAUGGGCGG AAAAGAGAGA CCUAUGGGU
6670 6680 6690 6700 6710 6720
UUUUCGUAG AUACCGAUG CUUUGACUCA ACOGUCACUG AGAGAGACAU CAGGACUGAG
6730 6740 6750 6760 6770 6780
GAGUCCAUHU ACCAGGCCUG CUCCUUAACC GAGGAGGCCG GAACUGCCAU ACACUCCUG
6790 6800 6810 6820 6830 6840
ACUGAGAGAC UCUAUGUGGG AGGGCCCAUG UUCAACAGCA AGGGCCAGUC CUGGGGGUAC
6850 6860 6870 6880 6890 6900
AGGCGUGGCC GCGCCAGCCG GGUGCUUACC AUUAGUUGG GGAAACCAU CACAUGCUAU

【図3F】

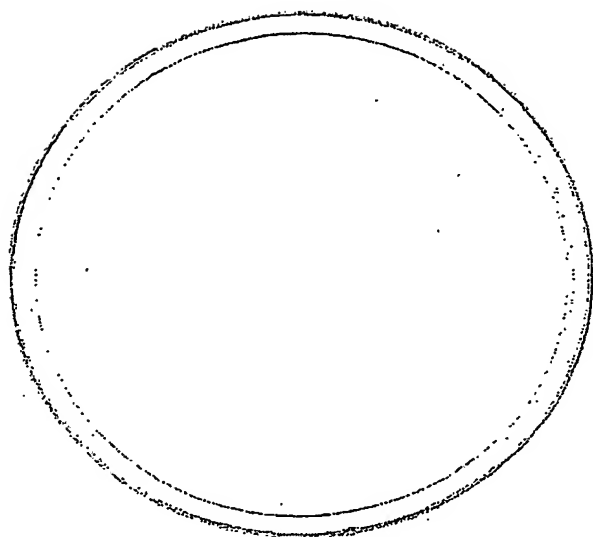
6910	6920	6930	6940	6950	6960
GUAAAAGCCC	UAGCGGCUUG	CAAGGCUGCG	GGGAUAUUG	CGCCCAAGAU	GCUGGUAUGC
6970	6980	6990	7000	7010	7020
GGCGACGACU	UGGUUGUCAU	CUCAGAAAGC	CAGGGGACUG	AGGAGGACGA	GCGGAACCUG
7030	7040	7050	7060	7070	7080
AGAGCCUUCA	CGGAGGCUAU	GACCAGGUAU	UCUGCCCCUC	CUGGUGACCC	CCCCAGACCG
7090	7100	7110	7120	7130	7140
GAAUAUGACC	UGGAGCUAAU	AACAUCUUGU	UCCUCAAAAG	UGUCUGUGGC	ACTUUGCCCCA
7150	7160	7170	7180	7190	7200
CAGGGGCCCC	GCGAUAACUA	CCUGACCAGA	GACCCACCA	CUUCAAUUGC	CCGGGCUGCC
7210	7220	7230	7240	7250	7260
UGGGAACACG	UUAGCACUC	CCUGUCAAU	UCAUGGCGGG	GAAACAUCAU	CCAGUAACGU
7270	7280	7290	7300	7310	7320
CCAACCAUUA	GGGUUCGCAU	GGGCCUGAUG	ACACACUUCU	UCUCCAUAUCU	CAUGGCCACG
7330	7340	7350	7360	7370	7380
GACACCCUUG	ACCAGAACCU	UAACUUGGAA	AUGUACGGAU	CGGUGUACUC	CGUGAGUCCU
7390	7400	7410	7420	7430	7440
CUGGACCUCC	CAGCCAUAUA	UGAAAGGUUA	CACGGGCUUG	ACGCCUUCUC	UCUGCACACA
7450	7460	7470	7480	7490	7500
UACACUCCCC	ACGAACUGAC	GCGGGUGGCU	UCAGCCCUCA	GAAACUUGG	GGCGCACACC
7510	7520	7530	7540	7550	7560
CUCAAGGCGU	GGAAGAGUCG	GGCGGUGCA	GUUAGGGCGU	CCUCAUUCUC	CCUGGGGGGG
7570	7580	7590	7600	7610	7620
AGGGCGGCGG	UUUGCGGUCG	GUACCUUCUC	AACUGGGGCG	UGAAGACCAA	GCUCAAAACUC
7630	7640	7650	7660	7670	7680
ACUCCUUGGC	CGGAGGCACG	CCUCCUGGAU	UGGUCCAGUU	GGUUUACCGU	CGGCGCGGCG
7690	7700	7710	7720	7730	7740
GGGGGCGACA	UUUAUCACAG	CGUGUGGCGU	GCCCGACCCC	GCCUAUUACU	CCUUAAGCUA
7750	7760	7770	7780	7790	7800
CCCUACUUAU	CUGUAGGGGU	AGGCCUCUUC	CUACUCCCGG	CUCGAUAGAG	CGGCACACAU
7810	7820	7830	7840	7850	7860
UAGCUACACU	CCADAGCUAA	CUGUUCUUUU	UUUUUUUUUU	UUUUUUUUUU	UUUUUUUUUU
7870	7880	7890	7900	7910	7920
UUUUUUUUUU	CUUUUUUUUU	UUUUUUUUUU	UUUUUUUUUU	UUUUUUUUUU	UUUUUUUUUU
7930	7940	7950	7960	7970	7980
UUUUUUUUUU	GCUCCAUUUU	AGCCCUAGUC	ACGGCUAGCU	GUGAAAGGUC	CGUGAGCCGC
7990	8000	8010	8020	8030	8040
AGGACUGCAG	AGAGUGCCGU	AACUGGUCUC	UCUGCAGAUU	AUGU	

【図 4】

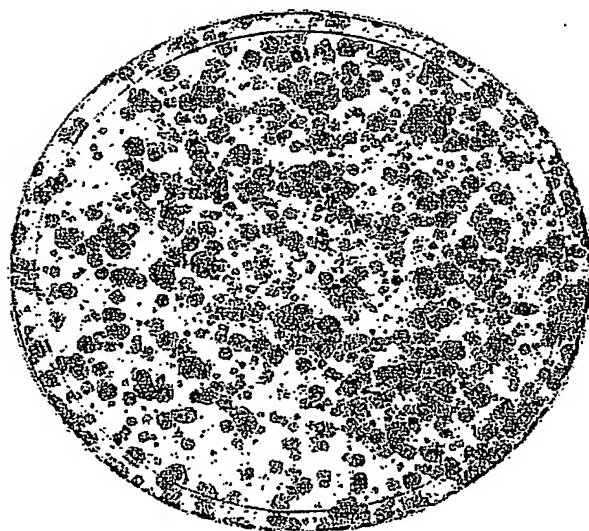


【図 5】

rSGREP-JCH1



rSGREP-JFH1

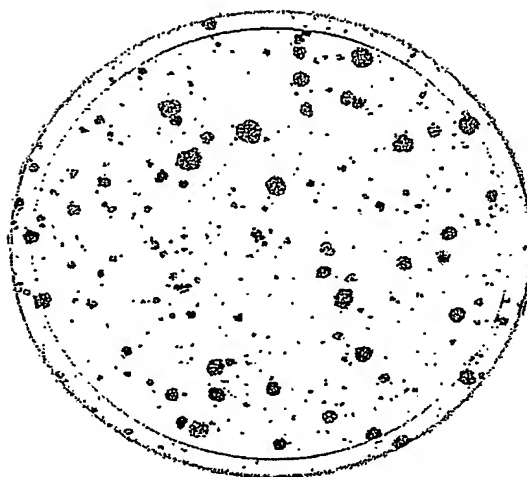


G418 0.5mg/ml

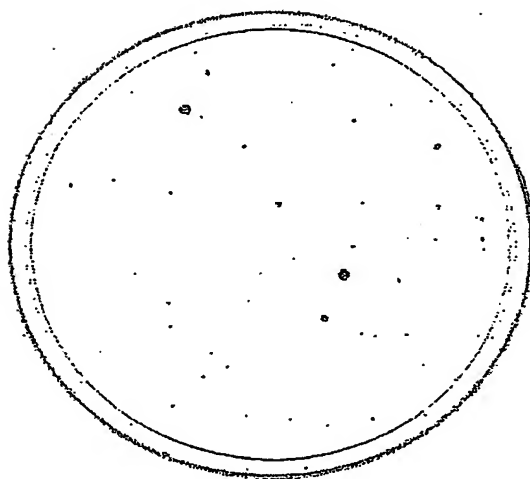
トランスフェクションした
RNA量 100ng

【図 6】

Mung Bean Nuclease
処理あり



Mung Bean Nuclease
処理なし

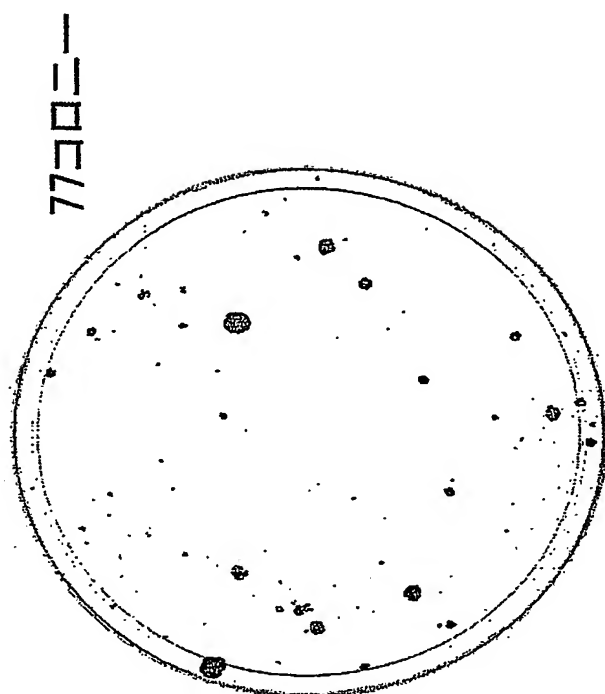


rSGREP-JFH1

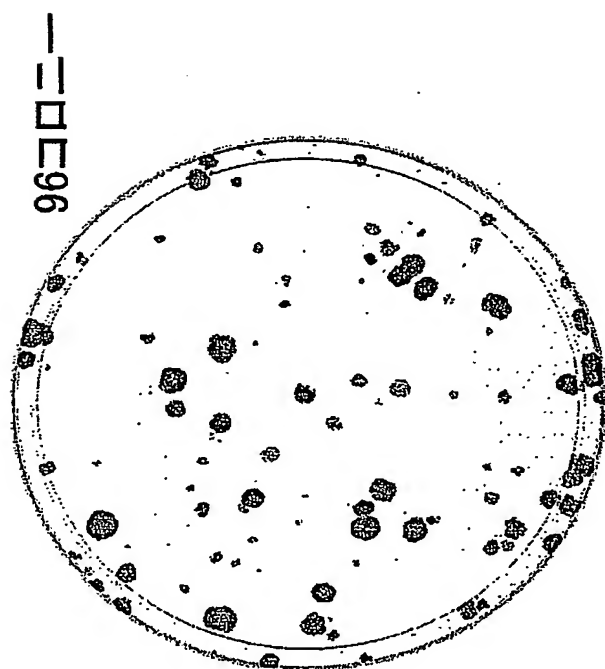
100ng

G418 1.0mg/ml

【図7】

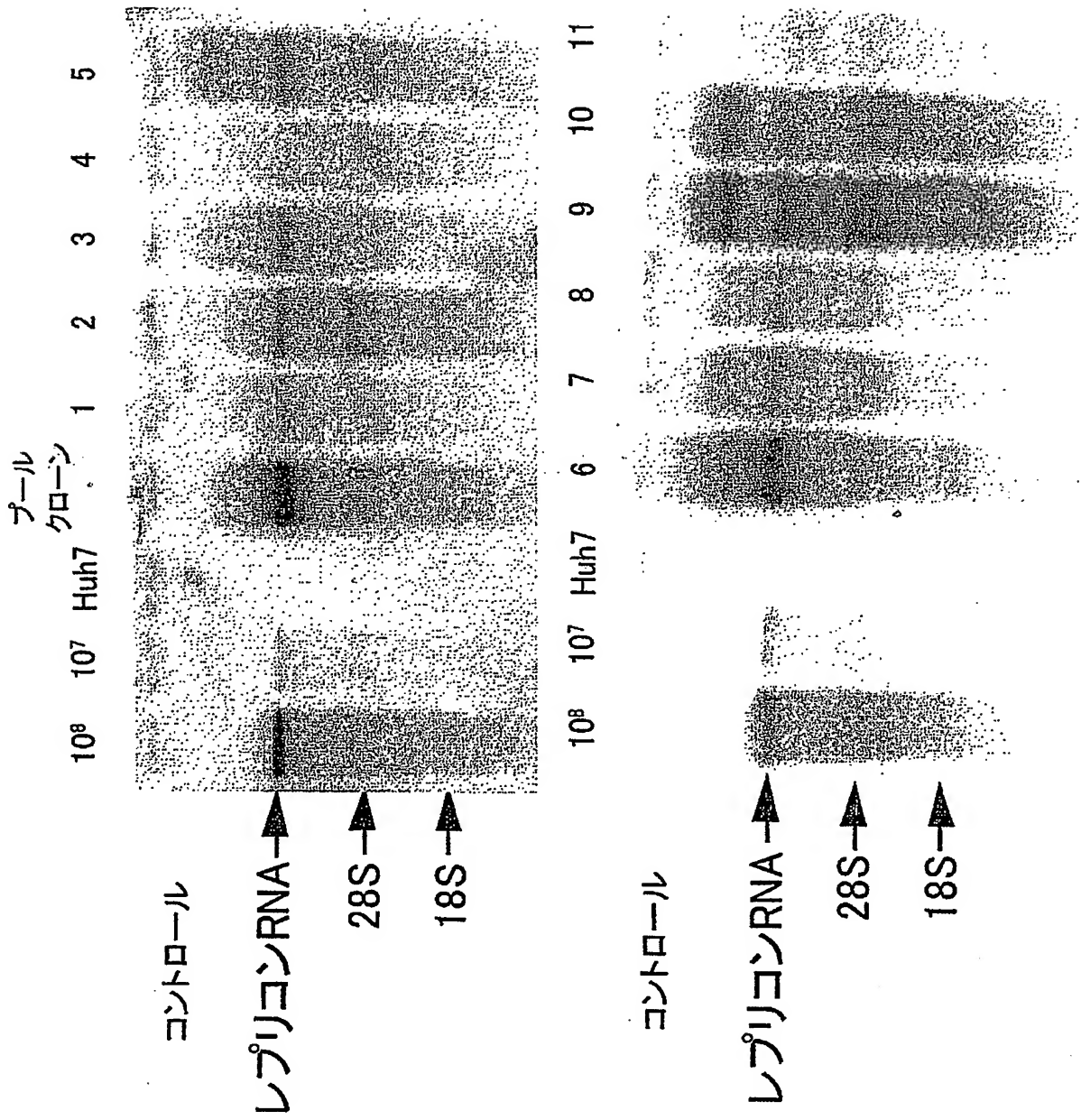


rSGREP-JFH1
 プールクロール RNA
 1x10⁷コピー
 トランスフェクション



rSGREP-JFH1
 クローン6 RNA
 1x10⁷コピー
 トランスフェクション

【図 8】



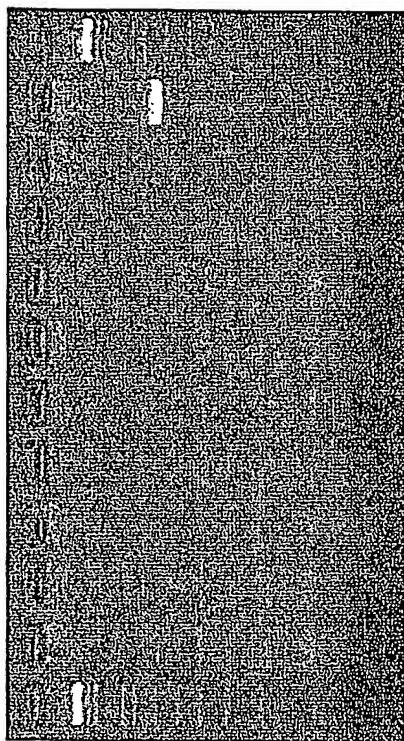
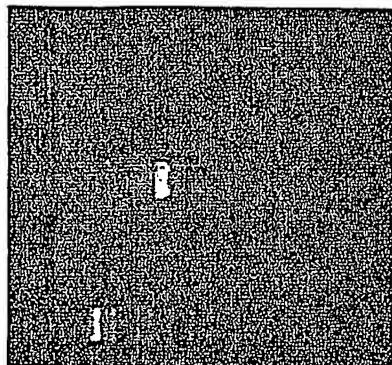
【図 9】

rSGREP-JCH1

rSGREP-JFH1

M 1 2 3 4 5 6

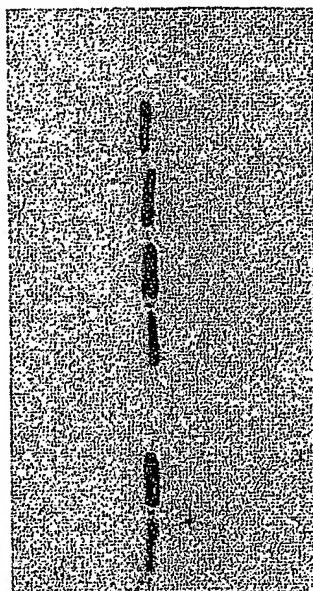
M 1 2 3 4 5 6 7 8 N P M



【図 10】

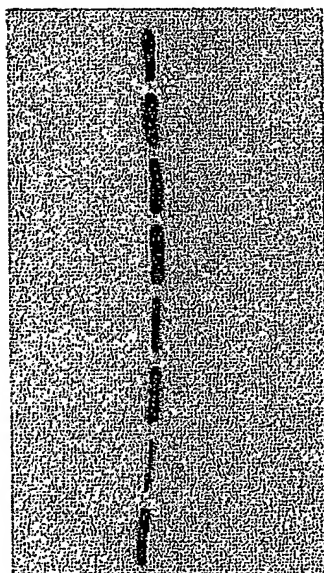
rSGREP-JCH1

1 2 3 4 5 6 P N

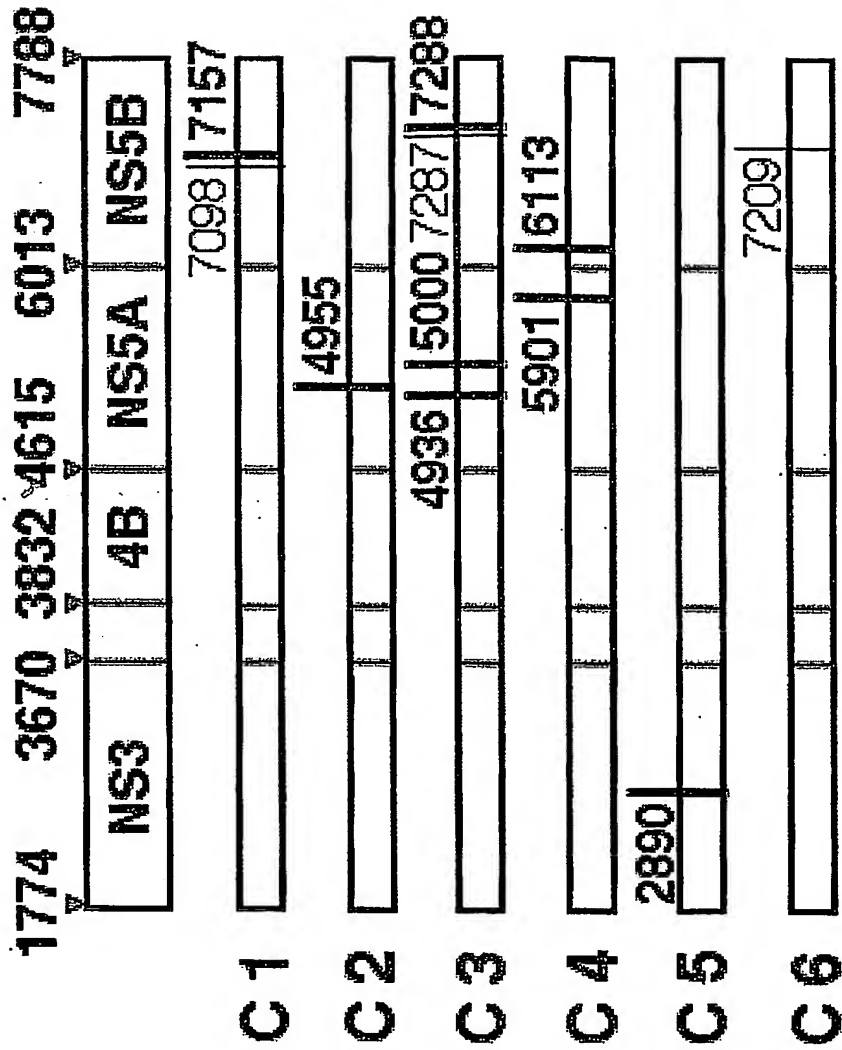


rSGREP-JFH1

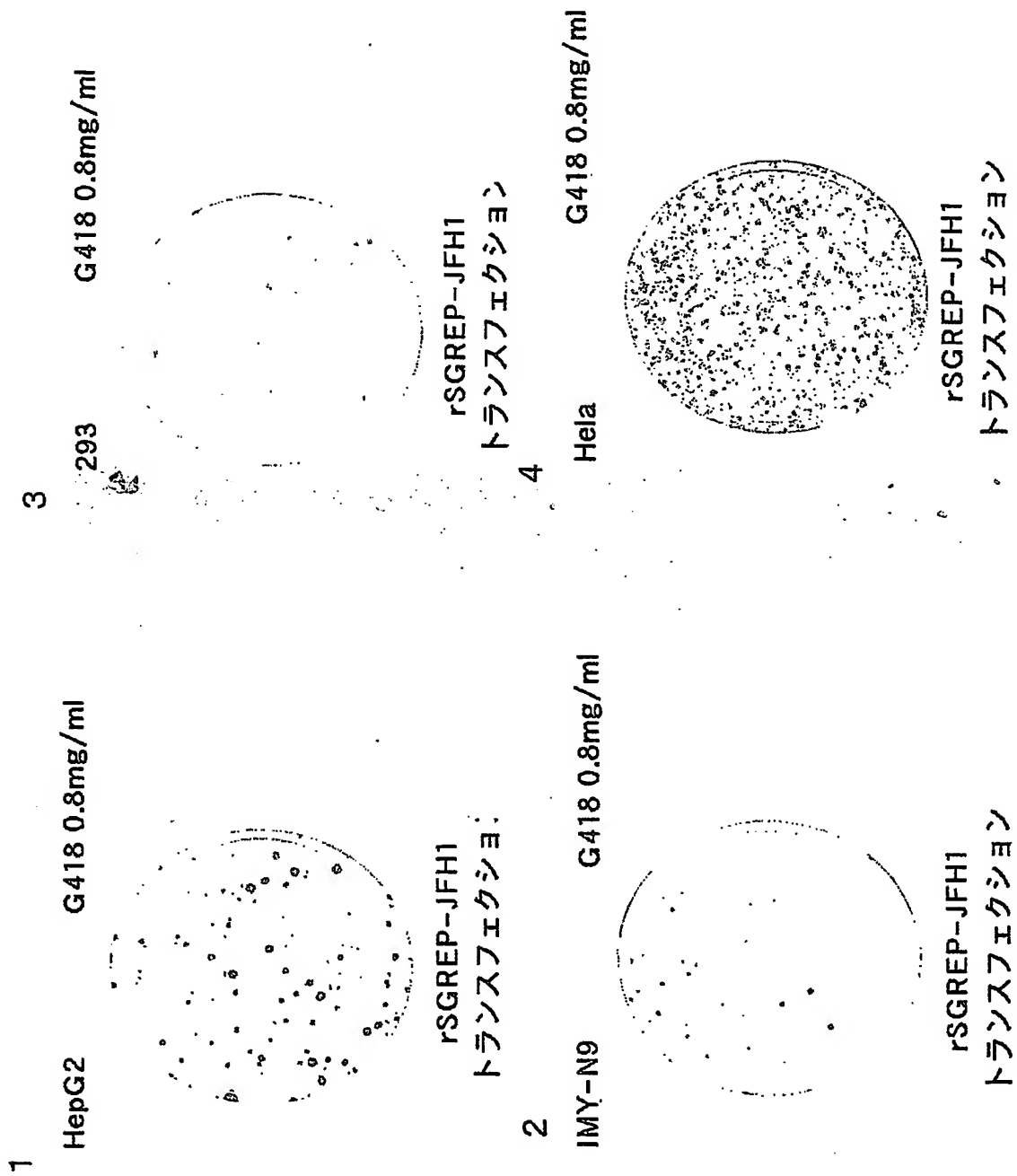
1 2 3 4 5 6 7 8



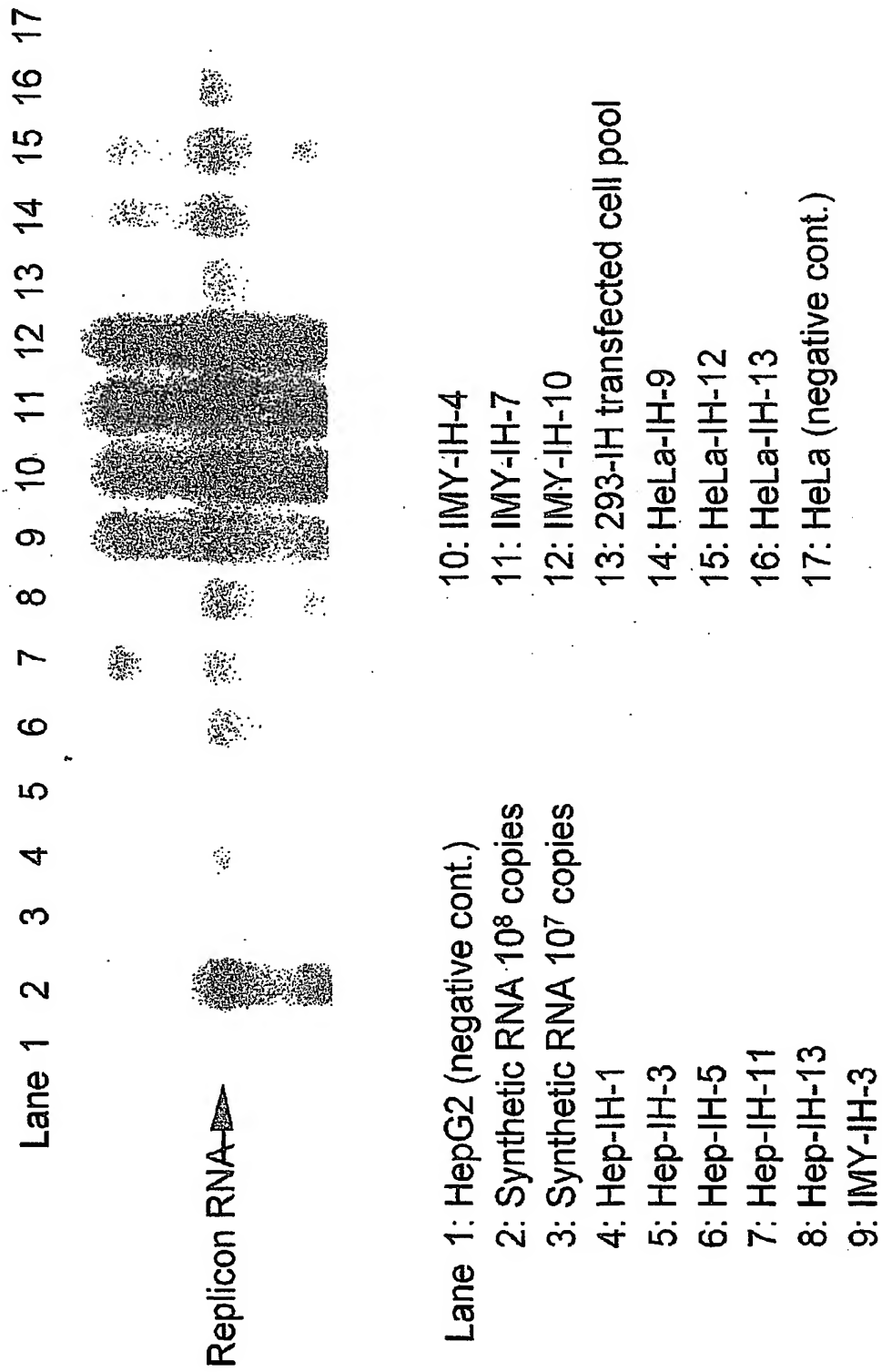
【図 11】



【図 12】

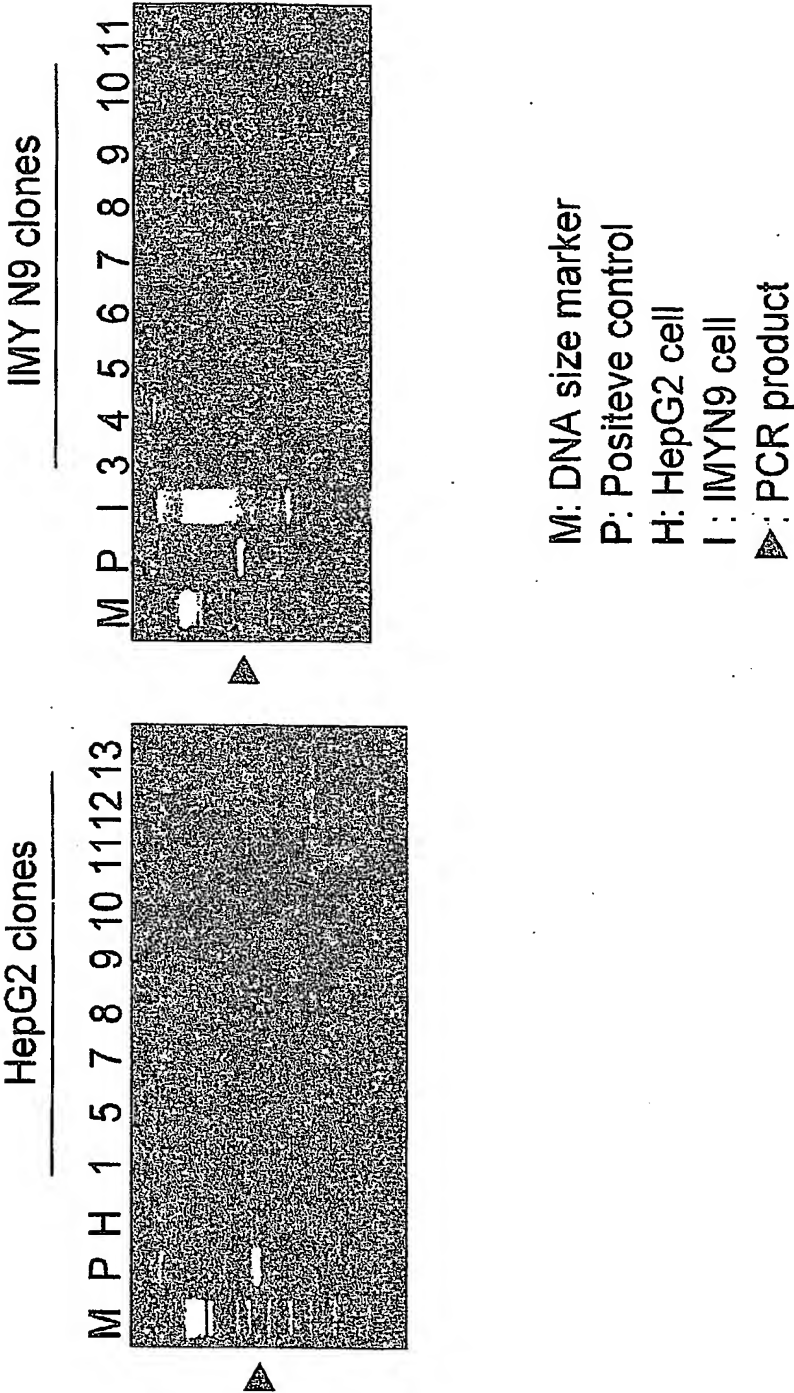


【図 13】



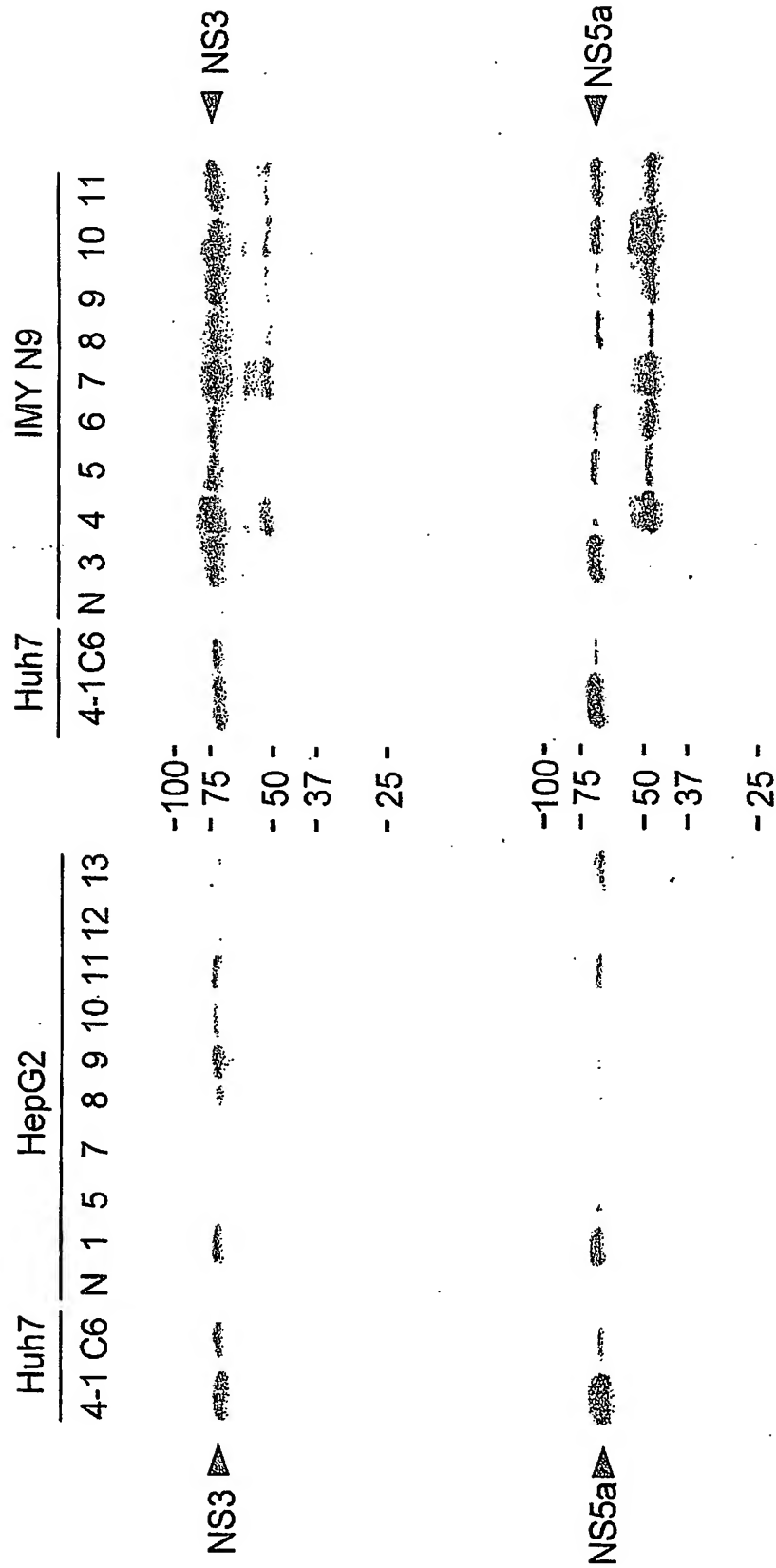
【図 14】

Detection of neomycine resistant gene integrations
by genomic DNA PCR analysis
In HepG2 and IMYN9 replicon cells



【図15】

Western blot analysis of NS3 and NS5a protein



【書類名】 要約書

【要約】

【課題】 遺伝子型1bとは異なる遺伝子型のHCV由来のレプリコンRNAを提供すること。

【解決手段】 遺伝子型2aのC型肝炎ウイルスのゲノムRNA上の、5'非翻訳領域と、NS3タンパク質、NS4Aタンパク質、NS4Bタンパク質、NS5Aタンパク質及びNS5Bタンパク質をコードする塩基配列と、3'非翻訳領域とを少なくとも含む塩基配列からなる、レプリコンRNA

。

【選択図】 なし

特願 2003-329115

出願人履歴情報

識別番号

[000003159]

1. 変更年月日

2002年10月25日

[変更理由]

住所変更

住 所

東京都中央区日本橋室町2丁目2番1号

氏 名

東レ株式会社

特願2003-329115

出願人履歷情報

識別番号

[591063394]

1. 変更年月日
[変更理由]

1999年10月26日

名称変更

住所変更

住 所
氏 名

東京都新宿区河田町10番10号
財団法人 東京都医学研究機構

2. 変更年月日
[変更理由]

2001年10月 9日

住所変更

住 所
氏 名

東京都新宿区西新宿二丁目8番1号
財団法人 東京都医学研究機構

特願 2003-329115

出願人履歴情報

識別番号

[503189262]

1. 変更年月日

2003年 5月26日

[変更理由]

新規登録

住 所

ドイツ連邦共和国 55099 マインツ

氏 名

ヨハネス グーテンベルク ユニベルスィテート マインツ